Aus dem Institut für Rechtsmedizin der Universität Marburg

Beitrag zur biostatistischen Abstammungsbegutachtung unter besonderer Berücksichtigung der Blutmerkmals-Frequenzen in der hessischen Bevölkerung

INAUGURAL-DISSERTATION
zur
Erlangung des Doktorgrades der gesamten Medizin
dem Fachbereich Humanmedizin der
Philipps-Universität Marburg

vorgelegt von
Helga Klapproth
aus Karlsbad

Marburg 1978

Fotodruck Symon und Wagner OHG · 3550 Marburg/Lahn · Biegenstr.5

Aus dem Institut für Rechtsmedizin der Universität Marburg

Beitrag zur biostatistischen Abstammungsbegutachtung unter besonderer Berücksichtigung der Blutmerkmals-Frequenzen in der hessischen Bevölkerung

INAUGURAL-DISSERTATION
zur
Erlangung des Doktorgrades der gesamten Medizin
dem Fachbereich Humanmedizin der
Philipps-Universität Marburg

vorgelegt von
Helga Klapproth
aus Karlsbad

Marburg 1978

UNIV.
LEIDEN
BIBL.

Angenommen vom Fachbereich Humanmedizin der Universität Marburg am 3. März 1978

gedruckt mit Genehmigung des Fachbereiches

Dekan: Prof. Dr. F. Neurath
Referent: Prof. Dr. I. Oepen
Correferent: Prof. Dr. P. Ihm

Inhalt

I. Einleitung 1
II. ESSEN-MÖLLER-Verfahren 2
III. Fragestellung 5
IV. Material und Methode 7
V. Frequenz-Verteilungen der Phänotypen und Prüfung auf ein genetisches Gefälle in 17 Blutmerkmal-Systemen 9
A. Merkmale der Erythrozyten-Membran 9
1. ABO-System 9
2. MNSs-System 21
3. Kell(K)-System 30
4. P-System 34
5. Duffy(Fy)-System 38
6. Kidd(Jk)-System 44
7. Rhesus(Rh)-System 48
B. Serum-Merkmale 57
1. Haptoglobin(Hp)-System 57
2. Gc-System 64
3. Gm-System 69
4. Inv-System 84
5. Transferrin(Tf)-System 88
C. Enzym-Merkmale 92
1. System der sauren Erythrozytenphosphatase(acP) 92
2. Phosphoglucomutase(PGM)-System 99
3. Adenylatkinase(AK)-System 105
4. Adenosindesaminase(ADA)-System 109
5. Glutamat-Pyruvat-Transaminase(GPT)-System 113

VI. Mathematische Auswertung der Ergebnisse .. 117
VII. Zusammenfassung und abschließende Wertung der Ergebnisse 146
VIII. Anhang: Phänotypen-Frequenzen in 18 Blutmerkmal-Systemen aus dem Einzugsbereich des Institutes für Rechtsmedizin der Universität Marburg 155
IX. Literaturverzeichnis 159

I. Einleitung

Seit mehr als 50 Jahren werden von deutschen Gerichten forensische Abstammungs-Gutachten in Vaterschafts-Prozessen herangezogen. Neben dem anthropologischen und dem geburtshilflichen hat das blutgruppen-serologische Gutachten heute die wesentlichste Bedeutung erlangt. Grundlagen sind die Vererbung der einzelnen Blutmerkmale und ihre Konstellation bei gegebener Kind-Mutter-Eventual-Vater-Kombination. War ursprünglich - wegen der geringen Zahl der für gerichtliche Gutachten zugelassenen Blutgruppen-Systeme - das mögliche Ziel eines Blutgruppen-Gutachtens, einen zu Unrecht benannten "Vater" auszuschliessen (Ausschlußverfahren), so wurde mit der Erweiterung des Testes auf mittlerweile mindestens 15 Merkmal-Systeme (Richtlinien des Bundesgesundheitsamtes für die Erstattung von Blutgruppengutachten vom 28. 10. 1977, Bundesgesundheitsblatt 20,236, 1977 [294]) auch ein positiver Vaterschafts-Hinweis möglich.

Das Wesen des blutgruppen-serologischen Gutachtens besteht darin, daß aufgrund bestimmter Kind-Mutter-Vater-Konstellationen und der Blutgruppen-Phänotypen- bzw. Gen-Frequenzen einer Bevölkerung auf einen bestimmten Wahrscheinlichkeits-Grad der Vaterschaft eines Eventualvaters geschlossen wird. Die zugrunde gelegten Phänotypen-Frequenzen entstammen Populations-Stichproben aus unterschiedlich großen geographischen Regionen.

Mathematische Grundlage zur Bestimmung eines definierten Wahrscheinlichkeits-Wertes der Vaterschaft bilden mehrere biostatistische Verfahren. Das älteste, anerkannteste und am häufigsten angewandte Verfahren ist das nach ESSEN-MÖLLER. Im folgenden Abschnitt soll es ausführlicher beschrieben werden.

Andere Verfahren wurden von SCHULTE-MÖNTING und WALTER [337], von FIEDLER, HOPPE und PETTENKOFER [82] sowie von STUTZ und ZIMMERMANN [378] entwickelt. Ein Vergleich biostatistischer Werte, der mit Hilfe von vier verschiedenen Methoden am gleichen Untersuchungsgut (322 Fälle) gewonnen wurde, ergab keinen wesentlichen Unterschied. Die ESSEN-MÖLLER-Werte lagen im mittleren Bereich (OEPEN und SCHMIDT [256]).

II. Das ESSEN-MÖLLER-Verfahren

ESSEN-MÖLLER [79] geht davon aus, daß Blutgruppen-Merkmale innerhalb einer Population, die Väter und Nichtväter einschließt, in einer bestimmten prozentualen Häufigkeit vorkommen. Als Symbol für diese Häufigkeit wird Y gesetzt. Es wird nach ESSEN-MÖLLER angenommen, daß jedes vererbte Blutmerkmal unter "wahren" Vätern häufiger vorkommt als in der Gesamt-Bevölkerung. Diese Häufigkeit unter "wahren" Vätern wird mit X bezeichnet. Die Zahlenwerte für X und Y sind aus Populations-Stichproben empirisch ermittelt worden. Nimmt man nun an, daß sich unter den zur Begutachtung gelangenden Männern gleich viele Väter wie Nichtväter befinden oder - anders ausgedrückt - , daß jedem begutachteten Mann eine gleich große Chance für wie gegen eine Vaterschaft zugebilligt wird, dann gilt nach ESSEN-MÖLLER für die Vaterschafts-Wahrscheinlichkeit W_V

$$W_V = \frac{X}{Y + X} = \frac{1}{1 + Y/X} .$$

Dieser Ansatz läßt sich wahrscheinlichkeits-theoretisch auf das BAYESsche Theorem zurückführen. Als Gesamt-Kollektiv gelten Väter und Nichtväter; beide erhalten die Häufigkeit 0,5; damit ist 0,5 die

a-priori-Wahrscheinlichkeit für die Vaterschaft eines Putativvaters.

Zur praktischen Anwendung des ESSEN-MÖLLER-Verfahrens haben HUMMEL, IHM und SCHMIDT [172] ein Tabellenwerk zusammengestellt, das zu allen möglichen Kind-Mutter-Vater-Terzetten den Quotienten Y/X eines bestimmten Blutmerkmals in logarithmischer Form (ESSEN-MÖLLER-Wert) enthält. Da in der Regel in jedem Gutachtenfall mehrere Blutgruppen-Systeme einbezogen werden, ergibt sich durch Addition der Logarithmen (entsprechend einer Multiplikation der zugrunde liegenden Numeri) eine Summe der ESSEN-MÖLLER-Werte, die einem ebenfalls tabellierten prozentualen Wahrscheinlichkeits-Wert W entsprechen. Die verbalen Formulierungen der W-Werte nach ESSEN-MÖLLER lauten:

W in Prozent:	verbales Prädikat:
99,9990 - 99,75	Vaterschaft praktisch erwiesen
99,7 - 99,0	Vaterschaft höchstwahrscheinlich
98,5 - 95,0	Vaterschaft sehr wahrscheinlich
94,5 - 90,0	Vaterschaft wahrscheinlich
88 - 80	gewisser Hinweis auf Vaterschaft
79 - 70	nur noch formaler Hinweis auf Vaterschaft
69 - 55	Indifferenzzone auf der "positiven" Seite
50	weder positiver noch negativer Hinweis auf Vaterschaft
45 - 31	Indifferenzzone auf der "negativen" Seite
30 - 21	formaler Hinweis auf mögliche Nichtvaterschaft
20 - 12	gewisser Hinweis auf Nichtvaterschaft
10 - 5,5	Vaterschaft unwahrscheinlich

5	-	1,5	Vaterschaft sehr unwahrscheinlich
1	-	0,25	Vaterschaft höchst unwahrscheinlich
0,2	-	0,10	Vaterschaft praktisch ausgeschlossen

Dieser W-Wert sagt aus, mit welcher prozentualen Wahrscheinlichkeit ein untersuchter Mann als Vater eines Kindes in Betracht kommt.

Zur Erläuterung ein Beispiel aus HUMMELs Tabellenwerk [172]: Es ist folgende Kind-Mutter-Eventualvater-Konstellation in 11 Blutmerkmal-Systemen gegeben:

Kind: A_1, MNSS, k, Fy(a-), ccddee, Hp 2-1, Gc 2-1, Gm(1,2), Inv(-1), acP(AB), PGM_1 1-1.

Mutter: O,k,MSS, Fy(a-), ccddee, Hp 2-2, Gc 1-1, Gm(-1,-2) Inv(-1), acP(AB), PGM_1 2-1.

Eventualvater: A_1, NSs, k, Fy(a-), CcD.ee, Hp 1-1, Gc 1-1, Gm(1,2), Inv(-1), acP(B), PGM_1 1-1.

Bei diesen Merkmals-Konstellationen ergeben sich für die einzelnen Systeme die folgenden ESSEN-MÖLLER-Werte, die aus den Tabellen abgelesen werden können:

System	EM-Wert	System	EM-Wert
ABO	9,6006	Gc	9,8558
MNSs	9,1749	Gm	9,2700
Kell	9,9826	Inv	9,9707
Fy	9,7677	acP	9,9710
Rh	9,9314	PGM_1	9,8876
Hp	9,5758		106,9881 [x]
	davon 10(11-1) abgezogen		6,9881

[x] Den einzelnen EM-Logarithmen ist die Zahl 10 zugezählt worden, um negative Logarithmen zu vermeiden. Daher muß später (n-1) · 10 von der Summe der EM-Werte wieder abgezogen werde.

Für die Summe der ESSEN-MÖLLER-Werte 6,9881 läßt sich dann der W-Wert 99,9 % ablesen, was dem verbalen Prädikat "Vaterschaft praktisch erwiesen" entspricht.

III. Fragestellung

Folgende Voraussetzungen werden für die Anwendbarkeit des ESSEN-MÖLLER-Verfahrens postuliert:

1. Eine völlige Durchmischung im Sinne des HARDY-WEINBERG-Gesetzes derjenigen Populationen, denen die Stichproben entstammen, die der Ermittlung der Phänotypen-Frequenzen als Grundlage für X und Y dienen;
2. Die unabhängige Vererbung der verwendeten Blutmerkmale (Ausnahmen s. u.);
3. Ein gesicherter Erbgang der Merkmale;
4. Verteilungs-Homogenität der einzelnen Merkmals-Frequenzen für das gesamte geographische Einzugsgebiet.

Voraussetzung 1. - 3. werden in dieser Arbeit als gegeben angenommen. Voraussetzung 4. soll hier untersucht werden.

Die den ESSEN-MÖLLER-Werten in den Tabellen von HUMMEL, IHM und SCHMIDT zugrunde gelegten Phänotypen-Frequenzen entstammen überwiegend dem süddeutschen Raum. Es stellt sich damit die Frage: Ist eine Anwendung der tabellierten ESSEN-MÖLLER-Werte im gesamten deutschen Raum gerechtfertigt oder ergibt sich aufgrund von Verteilungs-Heterogenitäten einzelner Blutmerkmals-Frequenzen die Notwendigkeit der Ermittlung regionalspezifischer ESSEN-MÖLLER-Werte.

Betrachtet man die oben aufgeführte Skala der Wahrscheinlichkeits-Werte W, so zeigt sich, daß bereits eine Änderung der Summe der Logarithmen (lg Y/X + 10) um 0,1 in den Grenzbereichen der einzelnen Wahrscheinlichkeitsstufen einen Übergang in den nächsten Bereich zur Folge haben kann. Größere Abweichungen können in ungünstigen Fällen sogar einen Übergang in den übernächsten Wahrscheinlichkeits-Bereich bewirken. Nimmt man an, daß 17 Systeme einbezogen werden und daß für alle diese Systeme aufgrund neu ermittelter Phänotypen-Frequenzen abweichende ESSEN-MÖLLER-Werte gelten, die je um 0,1 von den ursprünglichen abweichen, so ist im Extremfall für die Summe lg Y/X + 10 eine Abweichung von 1,7 denkbar, was zum Beispiel zu einem Wechsel vom Bereich "Vaterschaft wahrscheinlich" (W = 92 % → lg Y/X + 10 = 8,939) zum Bereich "gewisser Hinweis auf Nichtvaterschaft" (W = 20 % → lg Y/X + 10 = 10,639) führen würde. Es ist anzunehmen, daß ein solcher Extremfall nicht vorkommen wird, da sich mögliche Abweichungen durch Plus- und Minus-Differenzen bis zu einem gewissen Grad ausgleichen. Es ist andererseits aber auch unwahrscheinlich, einen so vollständigen Ausgleich zu finden, daß sich die Summe der ESSEN-MÖLLER-Werte nicht ändert.

Es ist demnach davon auszugehen, daß der ESSEN-MÖLLER-Wert in einem der verwendeten Blutmerkmal-Systeme um mindestens 0,1 abweichen muß, um eine Änderung des Wahrscheinlichkeits-Bereiches zu bewirken.

Daraus ergeben sich zwei Fragen:

1. Welche Abweichungen der Phänotypen-Frequenzen von den den Berechnungen der ESSEN-MÖLLER-Werte zugrunde gelegten bewirken deren Änderung um 0,1?

2. Welche regionalen Abweichungen der Phänotypen-Frequenzen liegen in den einzelnen Merkmal-Systemen tatsächlich vor?

IV. Material und Methode

Um einen möglichst vollständigen Überblick über die Verteilung der Frequenzen der berücksichtigten Blutmerkmal-Systeme im gesamten deutschen Raum zu erhalten, wurden aus der Literatur insgesamt 443 Stichproben (dazu 184 aus dem europäischen Ausland) zusammengetragen. Davon entfielen auf die Systeme ABO 97, MNSs 47, P 30, Kell 26, Duffy 16, Kidd 7, Rhesus 24, Hp 70, Gc 46, Gm 62, Inv 32, Tf 16, acP 40, PGM_1 40, AK 28, ADA 26 und GPT 20 Stichproben.

Hinzu kommen aus eigenen Untersuchungen noch 1 916 Personen, die aus 830 Vaterschafts-Gutachten-Fällen des Institutes für Rechtsmedizin der Philipps-Universität Marburg aus den Jahren 1964 bis 1974 ausgewertet wurden. Die in diesem Gutachten-Material in relativ geringer Zahl vorkommenden Ausländer blieben unberücksichtigt. Bei der Zusammenstellung dieses eigenen Materials wurde bewußt darauf verzichtet, die Gutachten nach der Art der Gerichtsverfahren, wie Vaterschaftsfeststellungs- oder Ehelichkeitsanfechtungs-Sachen bzw. nach der Anzahl der beteiligten Männer (Ein- und Mehrmannfälle) aufzuteilen, weil eine solche Gliederung für die Zielsetzung dieser Arbeit nicht relevant ist.

In den folgenden Kapiteln werden die verschiedenen Blutgruppen-Systeme einzeln untersucht und zwar zu-

nächst hinsichtlich der Verteilung der Phänotypen-Frequenzen innerhalb Deutschlands und anschließend - sofern erforderlich - wegen des unmittelbaren Interesses für die "eigene Region" bezüglich der Frequenzen in Hessen.

Im einzelnen sollen mit Hilfe der von PEARSON entwickelten Chi-Quadrat-Methode (siehe bei HASELOFF und HOFFMANN [125])[x] folgende Fragen beantwortet werden.:

1. Ist innerhalb Deutschlands Verteilungs-Homogenität oder -Heterogenität der Phänotypen-Frequenzen nachweisbar?
2. Welche Abweichungen zeigen die den ESSEN-MÖLLER-Werten zugrunde gelegten Phänotypen-Frequenzen von einem bei Verteilungs-Homogenität möglichen deutschen Mittelwert?
3. Welche Maximal-Abweichungen von den den ESSEN-MÖLLER-Werten zugrunde gelegten Frequenzen ergeben sich aus den einzelnen Stichproben bei heterogener Frequenz-Verteilung innerhalb Deutschlands?
4. Wie groß sind die entsprechenden Abweichungen bei innerdeutscher Frequenz-Heterogenität der Phänotypen in Hessen?

Am Schluß eines jeden Kapitels wird geprüft, ob sich ein Hinweis auf ein genetisches Gefälle innerhalb Deutschlands ergibt, was eine gegebenenfalls vorliegende Verteilungs-Heterogenität erklären könnte. Zum Vergleich werden einige Stichproben aus dem angrenzenden europäischen Ausland herangezogen.

---

[x] Die Signifikanz-Schranken der Chi-Quadrat-Verteilung wurde den Wissenschaftlichen Tabellen DOCUMENTA GEIGY[72] entnommen; der Grenzwert für p (= Grad der Irrtumswahrscheinlichkeit) wurde mit 0,05 angenommen. -

Alle erforderlichen Berechnungen wurden mit dem Elektronik-Rechner TEXAS-INSTRUMENTS SR-52 durchgeführt.

V. Frequenz-Verteilungen der Phänotypen und Prüfung auf ein genetisches Gefälle in 17 Blutmerkmal-Systemen.

A. Merkmale der Erythrozyten-Membran

1. ABO-System

Das zu Beginn unseres Jahrhunderts von LANDSTEINER beschriebene ABO-System ist eine der erythrozytären Merkmalsgruppen des menschlichen Blutes. Es handelt sich um genetisch gesteuerte Struktur-Varianten innerhalb der Erythrozyten-Membran und zwar um Glykolipoide, deren Spezifität im Kohlenhydrat-Anteil liegt. - Die Gene A_1, A_2, B und 0 ergeben folgende Phänotypen:

A_1 (= A_1A_1, $A_1$0 oder A_1A_2), A_2 (= A_2A_2 oder $A_2$0), B (= BB oder B0), A_1B, A_2B und 0 (= 00).

A_3 und A_4 kommen in Deutschland in außerordentlich geringem Prozentsatz (A_3 0,05 % und A_4 0,001 %) vor und bleiben daher im folgenden unberücksichtigt.

Die Chance, einen zu Unrecht als Vater benannten Mann auszuschließen (Ausschlußchance), beträgt im ABO-System aufgrund der Zahl der Phänotypen und ihrer Verteilung in der Bevölkerung 20 % (SPEISER [364])

Die regionale Frequenz-Verteilung der einzelnen Phänotypen wurde bereits mehrfach beschrieben. In Tabelle 1 wird ein Überblick über die Frequenzen in Deutschland anhand von 87 Literaturstellen gegeben mit den Frequenzen der vier Phänotypen 0, A, B und AB. In der Tabelle sind auch 12 Populations-Stichproben mit den Frequenzen der sechs Phänotypen 0, A_1, A_2, B, A_1B und A_2B enthalten. Sie wurden in Tabelle 2 noch einmal

Tab. 1 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im ABO-System in Prozent (ohne A-Untergruppen)

Population	Autoren	N	O	A	B	AB
Erzgebirge	SCHUHKNECHT[336]	1 071	49,6	35,6	11,6	3,2
Bayern	LÜTZELER und DORMANNS[234]	1 000	44,2	41,9	10,6	3,3
Bayern	LÜTZELER[233]	600	44,2	43,5	9,3	3,0
Oberbayern	BORNSTEIN[40]	3 558	43,9	39,09	12,2	4,81
Münster	HATZKY[127]	9 111	43,5	46,6	6,8	3,1
München	WANNER[404]	12 752	43,42	41.12	11,53	3,93
Göttingen	JÖRGENSEN[180]	2 000	43,0	43,8	8,3	4,9
München und Südbayern	RASCH[282]	100 000	42,8	41,9	11,1	4,2
München	KRUSE[208]	1 300	42,5	43,0	9,6	4,9
Stuttgart	SKORZYK[356]	7 190	42,13	41,69	11,17	4,96
Nordbaden	WALTER[398]	183	42,1	42,1	12,0	3,8
Köln	WIECHMANN und PAAL[422]	1 100	42,0	44,5	11,0	2,5
Oberbayern	SCHWARZFISCHER[341]	6 673	42,0	42,1	11,5	4,4
Freiburg/Br.	PREISLER et al.[269]	4 017	41,97	43,27	10,26	4,5
Berlin	SCHULZ[339]	3 960	41,77	40,38	11,59	6,26
Münster	DRÄGEMÖLLER[77]	3 051	41,72	43,53	10,19	4,56
Westfalen	WALTER[398,399]	9 310	41,7	44,7	9,9	3,7
Tübingen und Stuttgart	SKORZYK[356]	29 493	41,63	43,25	10,94	4,18
Tübingen	SKORZYK[356]	2 348	41,52	42,07	11,41	5,0
Südniedersachsen	JÖRGENSEN und GABRIEL[181]	1 733	41,43	45,12	8,54	4,9
Hannover	SCHMITT[331]	3 500	41,4	43,4	10,1	5,1
München	ZAPLITNYI[431]	15 720	41,3	42,6	11,4	4,7
Köln	HAHN[117]	13 794	41,2	44,78	9,55	4,47
Bremen	BUDDE[50]	1 000	40,9	45,9	10,4	2,8
Hamburg	WERNER[413]	1 622	40,9	41,2	13,0	4,9
München	WELSCH[405]	6 500	40,89	43,6	10,99	4,52
Ostwestfalen	SCHWIDETZKY et al.[344]	1 444	40,72	46,82	8,86	3,6

Duisburg	RINKEL [296]	2 518	40,6	44,7	10,0	4,7
Tübingen	VÖLTER et al. [394]	22 655	40,41	45,07	10,3	4,22
Schleswig-Holstein	GUNDEL [111]	8 969	40,4	43,7	11,2	4,7
München	RIMPAU und KRUSE [295]	765	40,0	46,0	9,2	4,8
Hamburg	HASELHORST [124]	4 000	40,0	43,2	12,9	3,9
Flensburg	GUNDEL [111]	1 181	39,9	43,6	11,9	4,6
Heidelberg	KRAH et al. nach [143]	34 513	39,83	45,08	10,69	4,39
Göttingen	HENKING-LUBBE [145]	1 032	39,83	44,28	11,05	4,84
Karl-Marx-Stadt	SCHEFFLER nach [143]	25 080	39,74	40,75	13,87	5,64
Bonn	CROME [65]	3 800	39,7	47,2	9,6	3,5
Frankfurt/M.	SCHWENZER nach [143]	2 000	39,6	44,0	11,0	5,4
Mainz	HÜTER [176]	7 680	39,48	46,18	9,8	4,54
Göttingen	JÖRGENSEN [180]	694	39,3	44,8	10,2	5,6
Rheinland-Pfalz	WALTER [397]	4 433	39,2	48,5	8,9	3,4
Hamburg	HASELHORST [124]	8 680	39,5	43,51	13,0	4,0
Hamburg	WERNER [413]	3 057	39,2	44,0	11,4	5,4
Leipzig	ZILS [433]	1 000	39,1	41,9	14,0	5,0
Würzburg	ELTEN [78]	3 724	38,94	44,2	11,89	4,96
Köln	GUTHOF [116]	5 000	38,94	46,1	10,32	4,64
Dresden	LOELE [228]	3 000	38,9	41,8	13,7	5,6
Sachsen	CHRISTIANSEN [62]	33 295	38,9	42,1	13,6	5,4
Herne	KLEIN und OSTHOFF [194]	1 229	38,9	42,9	13,6	4,6
München	HERRMANNS und KRONBERG [152]	668	38,8	43,7	10,9	6,6
Saarland	ABIAD [1]	4 683	38,6	48,6	8,8	4,0
Berlin	RAWENGEL [284]	2 652	38,54	41,52	13,48	6,48
Hamburg	HOPPE [166]	10 000	38,49	44,09	12,32	5,1
Kiel	GUNDEL [111]	10 511	38,4	43,2	13,5	4,9
Leipzig	BREITFELD [42]	5 000	38,4	42,34	13,24	6,02
Halle	KRUSE [208]	1 895	38,3	45,7	12,6	3,4

Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 091	38,24	47,5	10,06	4,2
Marburg	eigene Befunde	1 912	38,18	44,03	11,61	6,17
Rheinland-Pfalz	WALTER [398]	3 043	37,8	50,5	8,2	3,5
Leipzig	LOELE [228]	7 000	37,8	42,0	14,7	5,5
Leipzig	GEDICKE und WELLHÖRNER [95]	3 174	37,7	42,2	14,5	5,6
Rheinland-Pfalz	WALTER et al. [403]	891	37,4	50,3	8,8	3,5
Dresden	HORNUNG [167]	28 941	37,3	41,3	16,4	5,0
Schleswig-Holstein	BÖHMER [39]	8 662	37,3	43,6	13,4	5,7
Leipzig	ZUBER und ANDREAS nach [143]	3 021	36,41	43,09	14,33	6,16
Leipzig	ARNOLD [11]	6 000	37,1	42,9	15,5	4,5
Hessen	WENDT et al. [408]	667	37,03	42,43	16,19	4,35
Berlin	PETTENKOFER [261]	12 000	36,97	42,56	14,40	6,07
Erfurt	SCHUBERTH nach [143]	45 105	36,87	44,15	13,36	5,62
Berlin	HORNUNG [167]	79 145	36,8	44,4	14,3	5,5
Mecklenburg	DÜRWALD und GÖHLER [74]	1 372	36,8	44,4	12,9	5,9
Dresden	SEIFERT [349]	50 000	36,74	42,25	15,64	5,37
Berlin	BERNDT und PIETSCHKE [32]	2 040	36,7	42,8	14,3	6,2
Erfurt	GÄRISCH [94]	73 548	36,69	44,03	13,64	5,64
DDR	SCHNEEWEISS und LANGE [332]	7 500	36,6	42,5	14,5	6,4
Berlin	BERNDT und PIETSCHKE [32]	4 752	36,6	42,2	15,2	6,0
Hessen	WALTER [398]	1 059	36,4	50,1	10,0	3,5
Greifswald	LUDWIG [230]	13 100	36,3	44,9	12,9	5,9
Berlin	SCHRÖDER [335]	8 000	36,2	43,2	15,2	5,4
Berlin	SCHIFF [325]	5 621	36,1	42,7	14,8	6,4
Berlin	HELMBOLD und PROKOP [144]	8 402	35,7	44,2	14,4	5,7
Düsseldorf	BURGERS [54]	700	35,2	48,0	10,3	6,5
Berlin	SCHIFF und ZIEGLER [327]	2 500	35,0	44,0	15,0	6,0

Berlin	BERNDT und PIETSCHKE [32]	521	35,0	43,0	16,0	6,0
Leipzig	SUCKER [379]	1 000	34,5	41,5	16,5	7,5
Hessen	WENDT et al. [409]	268	33,96	45,15	15,3	5,59
Halle/Saale	MAZUR und ALEX nach [143]	5 321	35,29	43,77	14,04	6,9
	Summe	846 100				
	Frequenz-Mittelwerte		39,01	43,33	12,66	5,0

Tab. 2 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im ABO-System in Prozent (mit A-Untergruppen)

Population	Autoren	N	O		A_1	
			%	D^2/E x)	%	D^2/E
Stuttgart	SKORZYK[356]	7 190	42,13	16,627	35,21	0,562
Tübingen	SKORZYK[356]	2 348	41,52	3,471	34,71	0,778
München	WELSCH[405]	6 500	40,89	5,219	35,64	0,043
Mainz	HÜTER[176]	7 680	39,48	0,253	37,55	6,584
Würzburg	ELTEN[78]	3 724	38,94	0,032	36,28	0,248
Hamburg	HOPPE[166]	10 000	38,49	1,014	34,47	4,941
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER u.WALTER[10]	3 091	38,24	0,612	38,93	8,398
Marburg	eigene Befunde	1 912	38,18	0,432	36,50	0,266
Rheinland-Pfalz	WALTER et al.[403]	891	37,4	0,694	42,08	12,058
Berlin	PETTENKOFER et al.[261]	12 000	36,97	14,114	34,8	3,352
Hessen	WENDT et al.[408]	667	37,03	0,744	35,23	0,060
Hessen	WENDT et al.[409]	268	33,96	1,825	38,81	0,676
Summe		56 271		45,037		37,966
Frequenz-Mittelwerte			39,12		35,80	
Frequenzen nach HUMMEL			40,41		36,72	

Chi-Quadrat$_{(55)}$ = 343,406 $\rightarrow$ $p << 0,05$

x) D^2/E = Chi-Quadrat$_{(df)}$

E = Erwarteter Wert (hier: Probandenzahl bezogen auf den Mittelwert)

D = Differenz zwischen erwartetem und beobachtetem Wert.

df = Anzahl der Freiheitsgrade (hier: Spaltenzahl - 1 x Zeilenzahl - 1)

Fortsetzung Tabelle 2

A_2		B		A_1B		A_2B		
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	
6,48	22,216	11,17	3,149	4,16	0,512	0,8	7,601	
7,36	1,395	11,41	0,448	4,17	0,199	0,82	2.254	
7,96	0,091	10,99	4,329	3,56	3,099	0,96	1,976	
8,63	3,126	9,80	28,439	3,45	5,602	1,09	0,144	
7,92	0,222	11,89	0,007	4,05	0,013	0,91	0,141	
9,62	30,194	12,32	1,555	3,80	0,905	1,30	2,246	
8,57	1,010	10,06	8,680	3,33	3,351	0,87	1,926	
7,53	0,663	11,61	0,125	5,12	6,179	1,05	0,148	xx)
7,5	0,323	8,8	7,365	3,1	1,604	0,4	3,735	
7,76	1,355	14,4	63,575	4,54	9,153	1,53	15,602	
7,20	0,617	16,19	10,381	3,30	0,800	1,05	0,048	
6,34	0,980	15,30	2,619	4,10	0,009	1,49	0,292	
	62,192		130,672		31,426		36,113	
8,06		11,89		3,99		1,14		
7,72		10,65		3,58		0,92		

xx) darin: A_1: N = 2 0,104 %

A_3B: N = 2 0,104 %

Tab. 3 Hessische Phänotypen-Frequenzen im ABO-System in Prozent (ohne A-Untergruppen)

Population	Autoren	N	O		A		B		AB	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Frankfurt/M.	SCHWENZER nach [143]	2 000	39,6	1,330	44,0	0,435	11,0	1,084	5,4	0,153
Marburg	eigene Befunde	1 912	38,18	0,014	44,03	0,385	11,61	0,058	6,17	3,460
Hessen	WALTER [398]	1 059	36,40	0,764	50,1	6,252	10,0	2,876	3,5	5,935
Hessen	WENDT et al. [409]	268	33,96	1,169	45,15	0,001	15,3	2,835	5,59	0,080
Hessen	WENDT et al. [408]	667	37,03	0,167	42,43	0,972	16,19	10,862	4,35	0,923
Summe		5 906		3,444		8,045		14,839		10,551
Frequenz-Mittelwerte			38,01		44,99		11,8		5,2	
Frequenzen nach HUMMEL			40,41		44,44		10,65		4,5	

$\text{Chi-Quadrat}_{(12)}$ = 36,879 → $p < 0,05$

Tab. 4 Hessische Phänotypen-Frequenzen im ABO-System in Prozent (mit A-Untergruppen)

Population	Autoren	N	O		A_1		A_2		B		A_1B		A_2B	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Marburg	eigene Befunde	1 912	38,18	0,229	36,5	0,004	7,53	0,096	11,61	2,957	5,12	1,147	1,05	0,034
Hessen	WENDT et al.[408]	667	37,03	0,041	35,23	0,258	7,20	0,019	16,19	5,112	3,30	2,457	1,05	0,010
Hessen	WENDT et al.[409]	268	33,96	0,903	38,81	0,417	6,34	0,363	15,30	1,056	4,10	0,143	1,49	0,399
Summe		2 847		1,173		0,679		0,478		9,125		3,747		0,443
Frequenz-Mittelwerte			37,51		36,42		7,34		13,03		4,6		1,09	
Frequenzen nach HUMMEL			40,41		36,72		7,72		10,65		3,58		0,92	

$\text{Chi-Quadrat}_{(10)} = 15{,}645 \rightarrow 0{,}20 > p > 0{,}10$

gesondert aufgeführt.

Da sich aus Tabelle 2 mit Chi-Quadrat$_{(55)}$ = 343,406 und $p << 0,05$ hochsignifikante Verteilungs-Heterogenität ergibt, muß für Tabelle 1 das gleiche Ergebnis erwartet werden, weshalb sich hier eine weitere Untersuchung nach der Chi-Quadrat-Methode erübrigt.

Die Abweichungen der einzelnen Phänotypen-Frequenzen von den in HUMMELs Tabellenwerk veröffentlichten sind teilweise recht erheblich (Tab. 1 und 2: bis 6,4 %; dabei wurden die Extremwerte aus der Region "Erzgebirge" wegen der Annahme starker Endogamie-Effekte nicht berücksichtigt).

In Tabelle 3 wird die Frequenz-Verteilung der Phänotypen der Region Hessen analysiert. Bei Chi-Quadrat$_{(12)}$ = 36,879 und $p < 0,05$ ergibt sich auch hier Heterogenität, die jedoch relativ nahe der kritischen Grenze $p = 0,05$ (Chi-Quadrat$_{(12)}$ = 21,026) liegt.

Die Maximal-Abweichung der Frequenzen aus Tabelle 3 von HUMMELs Frequenzen beträgt auch hier 6,4 %. Da jedoch die Stichproben-Anzahl hier noch relativ klein ist und zudem allein 3 von 5 Stichproben dem Marburger Raum entstammen (WENDT [408,409] und eigene Befunde), sollte hier noch keine endgültige Feststellung einer Verteilungs-Heterogenität getroffen werden. Sobald weiteres Zahlenmaterial aus hessischen Populationen vorliegen wird, sollte die Frage der Verteilung erneut überprüft werden, um möglichst wirklichkeitsnahe Frequenz-Mittelwerte berechnen zu können.

Die 3 dem Marburger Raum entstammenden Populations-Stichproben zeigen homogene Frequenz-Verteilung (Chi-Quadrat$_{(10)}$ = 15,645; 0,20 > p > 0,10) wie sich aus Tabelle 4 ergibt.

Tabelle 5 zeigt einen Vergleich der Marburger Frequenzen mit den tabellierten nach HUMMEL (Angaben in Prozent).

Tab. 5

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenzen aus dem Marburger Raum	Differenz
0	40,41	37,51	- 2,90
A_1	36,72	36,42	- 0,30
A_2	7,72	7,34	- 0,38
B	10,65	13,03	+ 2,38
A_1B	3,58	4,60	+ 1,02
A_2B	0,92	1,09	+ 0,17

Die außerordentlich starke Heterogenität in diesem System läßt sich auf ein deutliches Driftverhalten der einzelnen Gene zurückführen. - Nach WALTER [397] liegt bezüglich des Gens A ein innereuropäisches West-Ost-Gefälle vor. Das Gen B weist ein deutliches Ost-West-Gefälle innerhalb Europas auf. - Für Gen 0 zeigt sich wieder ein deutliches West-Ost-Gefälle.

Dieses Driftverhalten läßt sich innerhalb Deutschlands anhand der Tabelle 1 ebenfalls sehr gut feststellen. Für Gen 0 scheint nach Tabelle 1 zusätzlich ein Süd-Nord-Gefälle vorzuliegen.

Tabelle 6 zeigt eine Zusammenstellung einiger Populations-Stichproben angrenzender europäischer Länder. Die oben beschriebenen genetischen Driften lassen sich auch hier weiter verfolgen.

Tab. 6 Europäische Phänotypen-Frequenzen im ABO-System in Prozent

Population	Autoren	N	O	A	B	AB
Belgien	MOUREAU[251]	3 500	46,7	41,9	8,3	3,1
Holland	HEIDE[129]	11 006	45,77	41,97	8,88	3,38
Holland	HIRSZFELD[162]	64 000	45,3	42,7	8,9	3,1
Frankreich	KHERUMIAN[191]	12 062	45,18	43,28	8,3	3,24
Frankreich	HIRSZFELD[162]	34 000	42,9	46,7	7,2	3,0
Dänemark	GOLDSCHMIDT[105]	132 133	41,82	42,99	10,54	4,65
Schweiz	LEGRAIN[222]	190 461	40,98	47,2	8,17	3,65
Schweiz	BERINGER[31]	2 709	39,39	47,03	9,45	4,06
Wien	LAL und SPEISER[211]	10 000	36,3	44,2	13,4	6,1
Polen	KELUS et al.[190]	40 000	33,4	38,5	19,5	8,6
Prag	HERZOG et al.[154]	662	30,82	35,05	18,88	15,25
CSSR	HIRSZFELD[162]	5 130	29,8	44,0	17,6	8,5

2. MNSs-System

Zu den erythrozytären Blutmerkmalen gehört auch das MN-System. Es wurde erstmals 1927 von LANDSTEINER und LEVINE beschrieben. Wie im ABO-System sind die blutgruppen-spezifischen Merkmale in der Erythrozyten-Membran zu finden und zwar als Mukoid-Neuraminsäure-Strukturen. - 20 Jahre nach Entdeckung des Systems konnte nachgewiesen werden, daß ein weiterer Blutgruppen-Faktor mit dem MN-System gekoppelt vorkommt; er erhielt die Bezeichnung S. Sein Allel wird s genannt. Damit liegen Gen-Komplexe in folgenden Kombinationen vor: MS, Ms, NS und Ns. Werden die Merkmale M, N und S (ohne s) bestimmt, so ergeben sich folgende Phänotypen-Kombinationen:

Ms (=MsMs), MS (=MSMS oder MSMs), MNs (=MsNs), MNS (=MSNS, MSNs oder MsNS), Ns (=NsNs) und NS (=NSNS oder NSNs).

Auf das Merkmal s wurde zum Zeitpunkt der im folgenden zitierten Publikationen nur indirekt geschlossen; heute stehen allerdings zuverlässige Reagenzien für den Nachweis von s zur Verfügung.

Bei Bestimmung aller vier Merkmale des Systems ist hier die Ausschlußchance für Nichtväter in Abstammungs-Untersuchungen, auch wegen der günstigen - nämlich relativ gleichmäßigen - Merkmals-Verteilung in der Bevölkerung, besonders hoch: Sie beträgt 32 % (SPEISER [364]).

Aufgrund zahlreicher Populations-Untersuchungen ist auch in diesem System die geographische Frequenz-Verteilung der Phänotypen gut bekannt. Allerdings findet man in der Literatur überwiegend Zahlenmaterial, welches isoliert die Allele M und N erfaßt.

Tab. 7 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im MN-System in Prozent

Population	Autoren	N	MM		MN		NN	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	WENDT et al. [409]	33	36,36	0,501	33,33	1,904	30,30	1,538
Würzburg	BINHOLD [36]	533	35,6	6,618	42,2	6,574	22,2	0,832
Berlin	THOMAS et al. [389]	907	33,8	5,591	48,3	0,567	17,9	2,790
Würzburg	ELTEN [78]	3 724	31,74	5,877	49,44	0,289	18,82	4,317
Saarland	ABIAD [1]	1 584	31,5	1,981	49,2	0,245	19,3	0,845
Oberbayern	MEIER [243]	2 294	31,20	2,066	49,31	0,263	19,48	0,861
Hessen	WENDT et al. [408]	165	30,89	0,098	47,87	0,156	21,20	0,060
Berlin	SCHIFF [326]	3 635	30,65	1,396	49,75	0,062	19,6	1,065
Südwest-Deutschland	HUMMEL et al. [172]	1 800	30,6	0,647	49,43	0,136	19,97	0,152
Bonn	CROME [65]	3 800	30,8	1,879	49,6	0,157	19,6	1,064
Deutschland	HIRSZFELD [162]	40 255	30,2	5,230	50,1	0,132	19,7	8,625
Frankfurt/M.	LAUBENHEIMER [219]	1 000	30,0	0,060	50,0	0,001	20,0	0,069
Dresden	THOMAS [389] et al.	2 020	29,89	0,070	52,12	1,647	17,96	0,115
Mainz	HÜTER [176]	7 680	29,79	0,116	49,06	1,526	21,15	2,330
Berlin	SCHIFF [326]	8 144	29,7	0,041	50,7	0,665	19,6	2,327
Hamburg	LAUER [220]	4 867	29,7	0,020	51,0	0,852	19,3	2,619
Schleswig-Holstein	DITTES et al. [71]	6 611	29,64	0,010	49,03	1,416	21,33	3,043
Westfalen	WALTER [398]	9 310	29,6	0,001	49,7	0,242	20,7	0,523
Marburg	eigene Befunde	1 893	29,57	0,000	52,0	1,396	18,43	3,444

Fortsetzung Tab. 7

München	ZAPLITNYI [431]	15 627	29,56	0,002	51,21	4,147	19,23	9,807
Köln	BLAUROCK [37]	2 000	29,4	0,022	49,1	0,368	21,5	1,277
Hamburg	HOPPE [166]	10 000	29,3	0,265	50,1	0,003	20,6	0,282
Rheinland-Pfalz	WALTER et al. [403]	891	29,3	0,024	48,1	0,650	22,6	2,120
Bayern	WANNER [404]	12 752	29,2	0,612	49,37	1,203	21,42	7,092
München	SPIELMANN et al. [375]	2 532	28,98	0,202	49,81	0,033	21,21	0,896
Münster	DRÄGEMÖLLER [77]	3 051	28,91	0,465	49,56	0,154	21,53	2,065
Göttingen	HENKING-LUBBE [145]	1 032	28,87	0,173	47,68	1,174	23,45	4,841
Köln	HAHN [117]	13 794	28,55	4,960	48,62	5,693	22,83	41,300
Württemberg	MAYSER [241]	2 578	28,43	1,146	49,88	0,016	21,68	2,297
Süddeutschland	SCHWARZFISCHER und LIEBRICH [343]	2 605	28,3	1,462	50,5	0,109	21,2	0,882
Stuttgart	MAYSER [242]	2 053	28,05	1,611	48,51	0,980	23,44	9,498
Rheinland-Pfalz	WALTER [398]	3 043	28,0	2,572	53,1	5,639	18,9	3,260
Frankfurt/Main	LAUER [220]	1 000	27,0	2,248	52,9	1,613	20,1	0,033
Rheinland-Pfalz	WALTER [397]	4 433	26,6	13,347	53,5	10,522	19,9	0,468

Fortsetzung Tab. 7

Nordbaden	WALTER [398]	183	26,2	0,696	55,8	1,173	18,0	0,490
Hessen	WALTER [398]	1 059	25,9	4,815	53,5	2,564	20,6	0,026
Saarland	WALTER [398]	135	17,8	6,346	60,0	2,648	22,2	0,225
	Summe	179 023		73,170		56,919		123,398
	Frequenz-Mittelwerte		29,6		50,0		20,4	
	Frequenzen nach HUMMEL		30,6		49,43		19,97	

(Zum Vergleich:

gesamtdeutsche Frequenz-Mittelwerte aus 1941 nach FISCHER [85]	29,933	50,024	20,043	)

$\text{Chi-Quadrat}_{(72)} = 253{,}487 \rightarrow p << 0{,}05$

Deshalb wurden hier für Deutschland zwei Vergleichstabellen erstellt, und zwar wurde zunächst nur MN betrachtet (Tabelle 7) und anschließend die Kombination MNS zusammengestellt (Tabelle 8).

Aus Tabelle 7 ergibt sich anhand von insgesamt 38 deutschen Populations-Stichproben ein Chi-Quadrat$_{(74)}$ = 253,487 und $p << 0,05$. Damit liegt hochsignifikante Verteilungs-Heterogenität vor. Die Abweichungen der Frequenz-Werte von denen aus HUMMELs Tabellenwerk betragen bis zu 16 %. Dabei ist aber zu berücksichtigen, daß einige Stichproben nur geringe Probanden-Zahlen umfassen, sodaß hier sicherlich ein "Fehler der kleinen Zahl" eine gewisse Rolle spielt. Jedoch auch bei Nichtberücksichtigung dieser Stichproben (WENDT et al.[409], WALTER [398]) bleiben noch Abweichungen bis zu 7 %.

Tabelle 8 zeigt einen Phänotypen-Frequenz-Vergleich innerhalb Deutschlands bezüglich der Kombination MNS. Wie zu erwarten, liegt auch hier bei Chi-Quadrat$_{(50)}$ = 126,757 und damit $p < 0,05$ deutlich heterogene Frequenz-Verteilung vor. Die Abweichungen von HUMMELs Frequenzen betragen jedoch nur noch bis zu 3,6 %.

Betrachtet man nun die Region Hessen (6 Stichproben mit insgesamt 6 150 Probanden) für das System MN, so ergibt sich bei Chi-Quadrat$_{(10)}$ = 15,543 und $0,20 > p > 0,10$ homogene Frequenz-Verteilung (Tabelle 9).

Für den regionalen Frequenz-Vergleich in Hessen standen aus der Literatur lediglich Zahlen zur Verfügung, die MN betrafen. Ein MNS-Phänotypen-Frequenz-Vergleich konnte deshalb nicht erstellt werden.

In Tabelle 10 sind die nach Tabelle 9 errechneten

Tab. 8 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im MNS-System in Prozent

Population	Autoren	N	Ms		MS	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	WENDT et al.[408]	165	12,72	2,376	18,17	0,441
Schleswig-Holstein	DITTES et al.[71]	6 611	10,27	9,782	19,37	4,293
Marburg	eigene Befunde	1 893	9,82	1,064	19,75	0,550
Berlin	THOMAS et al.[389]	907	9,62	0,231	24,22	5,781
Leipzig, Halle	THOMAS et al.[389]	924	9,52	0,174	20,02	0,116
Rheinland-Pfalz	WALTER[403]	891	9,2	0,008	20,10	0,084
Südwest-deutschland	HUMMEL et al.[171]	1 800	9,07	0,006	21,53	0,921
Deutschland	SPIELMANN et al.[375]	2 532	8,84	0,192	20,14	0,185
Süd-Deutschland	SCHWARZFISCHER und LIEBRICH[343]	2 605	8,3	1,917	20,00	0,356
Rheinland-Pfalz	ARNDT-HANSER und WALTER[10]	3 086	7,81	5,732	21,71	2,094
Dresden	THOMAS et al.[389]	2 020	7,37	6,666	22,52	3,912
	Summe	23 434		28,148		18,723
	Frequenz-Mittelwerte		9,11		20,53	
	Frequenzen nach HUMMEL		9,07		21,53	

Chi-Quadrat$_{(50)}$ = 126,757 $\rightarrow p << 0,05$

Fortsetzung Tab. 8

MNs		MNS		Ns		NS	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
20,0	0,719	27,87	0,055	13,93	0,042	7,27	0,716
24,25	3,311	24,78	11,382	16,02	9,800	5,31	1,769
24,49	1,246	27,56	0,293	12,89	3,592	5,54	0,077
22,27	0,316	26,10	0,279	14,44	0,007	3,52	7,455
24,13	0,370	27,59	0,152	11,90	4,458	6,81	2,014
20,9	2,029	27,20	0,017	16,0	1,372	6,6	1,322
22,41	0,474	27,02	0,003	13,85	0,540	6,12	0,531
23,38	0,048	26,43	0,242	14,97	0,304	6,24	1,298
21,70	2,464	28,8	3,347	14,50	0,002	6,7	4,718
22,39	0,807	28,61	3,242	14,10	0,437	5,38	0,557
23,21	0,002	28,91	2,797	12,77	4,386	5,19	0,894
	11,786		21,809		24,940		21,351
23,17		26,93		14,55		5,7	
22,41		27,02		13,85		6,12	

hessischen Frequenz-Mittelwerte den Frequenzen aus HUMMELs Tabellen gegenübergestellt (Angaben in Prozent).

Tab. 10

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenzen aus dem Marburger Raum	Differenz
MM	30,60	28,73	- 1,87
MN	49,43	51,54	+ 2,11
NN	19,97	19,72	- 0,20

Anhand von Literaturangaben und dem eigenen Untersuchungs-Material läßt sich aus den vorliegenden Tabellen kein Hinweis auf eine genetische Drift finden. Die von WALTER [397] festgestellte Ost-West-Staffelung für die Gene M und N setzt sicherlich die Einbeziehung wesentlich größerer geographischer Räume voraus. - Auch die in Tabelle 11 zusammengestellten Frequenz-Stichproben aus den angrenzenden europäischen Gebieten ergeben diesbezüglich noch kein übersichtlicheres Bild. - Die Verteilungs-Heterogenität der Phänotypen-Frequenzen in diesem System kann daher nicht im Sinne einer genetischen Drift gedeutet werden.

Tab. 9 Hessische Phänotypen-Frequenzen im MN-System in Prozent

Population	Autoren	N	MM		MN		NN	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	WENDT et al.[409]	33	36,36	0,667	33,33	2,123	30,30	1,876
Hessen	WENDT et al.[408]	165	30,89	0,274	47,87	0,429	21,20	0,189
Frankfurt/M.	LAUBENHEIMER[219]	2 000	30,0	1,122	50,0	0,948	20,0	0,079
Marburg	eigene Befunde	1 893	29,57	0,478	52,0	0,071	18,43	1,583
Frankfurt	LAUER[220]	1 000	27,0	1,039	52,9	0,359	20,1	0,073
Hessen	WALTER[398]	1 059	25,9	3,010	53,5	0,822	20,6	0,401
Summe		6 150		6,590		4,752		4,201
Frequenz-Mittelwerte			28,73		51,54		19,72	
			30,6		49,43		19,97	

Chi-Quadrat$_{(10)}$ = 15,543 → 0,20 > p > 0,10

Tab. 11 Europäische Phänotypen-Frequenzen im MN-System in Prozent

Population	Autoren	N	MM	MN	NN
Polen	KELUS et al.[189]	3 100	35,52	48,26	16,33
Holland	VAN DER HEIDE et al.[130]	342	33,3	49,4	17,3
Schweiz	BERINGER[31]	2 711	30,91	47,99	21,06
Dänemark	GALATIUS-JENSEN[93]	1 972	30,32	49,39	20,29
Frankreich	MOULLEC und KHERUMIAN[248]	4 151	30,28	45,27	20,45
Frankreich	HIRSZFELD[162]	1 400	30,1	50,1	19,8
Österreich	SPEISER und MOHL[368]	240	29,6	50,4	20,0
Belgien	MONREAU[251]	3 100	28,9	50,3	20,8
Schweiz	LEGRAIN[222]	6 185	28,8	50,17	21,03
CSSR	RASKA et al.[283]	4 038	28,4	50,1	21,5

3. Kell(K)-System

Das 1946 von COOMBS, MOURANT und RACE entdeckte Kell-System (K) wurde nach dem Familiennamen einer Patientin benannt. Wenig später konnte das Merkmal Kell auch als Ursache von Transfusions-Zwischenfällen erkannt und beschrieben werden (PESCHEL et al. [259]). Auch hier handelt es sich um ein Merkmal, welches in der Erythrozyten-Membran lokalisiert ist. Es kommt in allen Rassen relativ selten vor (in keiner bekannten Population über 13 % [271]). Das Fehlen des Merkmals wurde mit K- bezeichnet. - Die später entdeckten seltenen und noch nicht ausreichend untersuchten Untergruppen (bis K_{13}) haben bis auf k (=Cellano) vorerst wegen Mangels an Testseren keine Bedeutung für Abstammungs-Untersuchungen und werden deshalb hier nicht berücksichtigt. Hier gilt ebenso wie für s, daß k nicht in den Frequenz-Vergleich einbezogen werden kann, weil zu wenig Literaturangaben über seine Verteilung vorliegen.

Bei Nichtberücksichtigung der erwähnten Kell-Untergruppen ergeben sich aus dem Vorhandensein oder Fehlen des Faktors K die Phänotypen

K (=KK oder KK-) und K- (= K-K-).

In diesem System ist die Ausschlußchance für Nichtväter bei Abstammungsuntersuchungen nur gering: 4 % (SPEISER [364]), weil nur zwei Merkmale bestimmt werden, die auch noch ungünstig verteilt sind (K ist selten!).

In Tabelle 12 werden 15 deutsche Populations-Stichproben verglichen. Bei Chi-Quadrat$_{(14)}$ = 89,449 und damit $p << 0{,}05$ ergibt sich wieder deutlich heterogene Fre-

Tab. 12 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Kell-System in Prozent

Population	Autoren	N	K+		K-	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Würzburg	ELTEN [78]	772	15,42	49,650	84,58	4,411
Marburg	eigene Befunde	1 614	10,90	14,757	89,10	1,314
Mainz	HÜTER [176]	756	9,66	2,035	90,34	0,181
Saarland	ABIAD [1]	1 408	8,5	0,214	91,5	0,019
Hessen	WENDT et al. [408]	167	8,39	0,009	91,61	0,001
Berlin	PETTENKOFER [260]	562	8,36	0,000	91,64	0,000
Berlin	PROKOP und UHLENBRUCK [274]	10 156	8,21	0,022	91,79	0,002
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 067	7,83	0,445	92,17	0,039
Bayern	JUNGWIRTH [186]	3 000	7,76	0,579	92,24	0,053
Mainz	ALLMARAS [5]	816	7,7	0,200	92,3	0,018
Hamburg	HOPPE [166]	10 000	7,7	2,703	92,30	0,240
Leipzig	DÜRWALD et al. [75]	2 011	7,6	0,778	92,40	0,069
Kiel	NAGEL [252]	405	7,41	0,289	92,59	0,025
Bonn	PROKOP et al. [273]	401	5,98	2,325	94,02	0,208
Südwest-Deutschl.	WALTER [403]	870	5,3	8,858	94,7	0,006
	Summe	36 005		82,863		6,586
	Frequenz-Mittelwerte		8,17		91,83	
	Frequenzen nach HUMMEL		7,7		92,3	

$\text{Chi-Quadrat}_{(14)} = 89{,}449 \rightarrow p << 0{,}05$

quenz-Verteilung. Die Abweichungen von HUMMELs Frequenzen betragen bis zu 7,7 %.

Der wegen der deutlichen Verteilungs-Heterogenität erforderliche Regional-Vergleich hessischer Werte konnte nur für Nordhessen durchgeführt werden, da sich in der Literatur nur zwei nordhessische Stichproben fanden. Diese wurden mit den Frequenzen aus dem eigenen Untersuchungsgut verglichen (Tabelle 13). Bei Chi-Quadrat$_{(2)}$ = 1,867 und $0,40 > p > 0,30$ zeigt sich gute Übereinstimmung.

Tabelle 14 enthält einen Vergleich des nordhessischen Mittelwertes mit den Phänotypen-Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk.

Tab. 13 Nordhessische Phänotypen-Frequenzen im Kell-System in Prozent

Population	Autoren	N	K		K -	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Marburg	eigene Befunde	1 614	10,9	0,479	89,1	0,055
Gießen, Kassel, Marburg	WENDT et al.[407]	702	9,54	0,440	90,46	0,051
Marburg	WENDT et al.[408]	167	8,39	0,770	91,61	0,072
Summe		2 483		1,689		0,178
Frequenz-Mittelwerte			10,35		89,65	
Frequenzen nach HUMMEL			7,7		92,3	
Chi-Quadrat$_{(2)}$ = 1,867 → $0,40 > p > 0,30$						

Tab. 14

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
K	7,70	10,35	+ 2,65
K -	92,30	89,65	- 2,65

Trotz der deutlich heterogenen Frequenz-Verteilung der Phänotypen in Deutschland läßt sich aus Tabelle 12 kein eindeutiges genetisches Gefälle ermitteln. Das gleiche gilt für die in Tabelle 15 zusammengestellten Stichproben aus angrenzenden europäischen Gebieten.

Tab. 15 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Kell-System in Prozent

Population	Autoren	N	K	K -
Polen	KELUS et al.[190]	1 000	11,3	88,7
Österreich	SPEISER u.MOHL[368]	198	9,59	90,41
Oslo	HEISTO [139]	1 000	9,0	91,0
Norwegen	KORNSTAD [203]	15 826	8,69	91,31
Holland	VAN DER HEIDE [130] et al.	538	8,55	91,45
Wien	SPEISER u.LEWKIN[366]	1 303	8,29	91,71
Schweiz	LEGRAIN [222]	2 673	7,63	92,37
Schweiz	BERINGER[31]	2 725	7,52	92,48
Paris	LACOMME et al.[210]	715	7,27	92,73
Schweden	HEIKEN [138]	4 527	7,11	92,89
Florenz	GAGLIARDI und MACCHIA[92]	4 521	6,1	93,9
Dänemark	GALATIUS-JENSEN[93]	1 960	5,97	94,03

4. P-System

Etwa gleichzeitig mit der Entdeckung des MNSs-Systems wurde 1927 von LANDSTEINER und LEVINE das P-System als genetisch determinierte Mukoid-Struktur an Erythrozyten gefunden. Auch hier haben die später entdeckten seltenen Untergruppen forensisch keine Bedeutung. - Die Häufigkeit des Merkmals bei Weißen beträgt etwa zwischen 75 und 80 % [271]. Das Fehlen des Merkmals wird mit p bezeichnet. Daraus ergeben sich die Phänotypen-Möglichkeiten:

P (= PP oder Pp) und p (= pp).

Auch in diesem System liegt die Ausschlußchance nur bei 4 % (SPEISER [364]).

In Tabelle 16 werden 13 deutsche Populations-Stichproben verglichen. Es ergibt sich $\text{Chi-Quadrat}_{(12)} = 114{,}408$ und $p \ll 0{,}05$. Damit zeigt sich auffällige Verteilungs-Heterogenität der beiden Phänotypen. - Die Maximal-Abweichung der Frequenzen von den in den HUMMEL-Tabellen veröffentlichten beträgt etwa 8 %.

Vergleicht man anhand von Tabelle 17 drei hessische Stichproben (die vermutlich überwiegend dem Marburger Raum entstammen), so erhält man $\text{Chi-Quadrat}_{(2)} = 6{,}698$ und $0{,}05 > p > 0{,}025$ und damit schwache Verteilungs-Heterogenität. Dieser Befund sollte jedoch nicht überbewertet werden, da er auf ein sehr kleines Stichproben-Material zurückgeführt wird, das zudem noch einer sehr begrenzten hessischen Region entspricht, sowie bei zwei Stichproben auch noch sehr kleine Probandenzahlen enthält.

Tab. 16 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im P-System in Prozent

Population	Autoren	N	P		p	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	WENDT et al.[409]	32	81,25	0,070	18,75	0,231
Marburg	eigene Befunde	668	80,69	1,097	19,31	3,717
Hamburg	HOPPE [166]	10 000	80,16	11,903	19,84	40,144
Düsseldorf	SCHOLZ [334]	918	77,8	0,050	22,2	0,169
Würzburg	ELTEN [78]	954	77,47	0,014	22.53	0,046
Mainz	ALLMARAS [5]	813	76,9	0,007	23,1	0,023
Rheinl.-Pfalz/ Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 010	76,8	0,093	23,2	0,315
Deutschland	DAHR u. ZEHNER [67]	3 530	76,03	0,732	23,97	2,475
Deutschland	JUNG-MICHEL [185]	1 586	75,54	0,523	24,46	1,762
Rheinl.-Pfalz	WALTER [403]	889	74,7	0,686	25,3	2,312
Deutschland	SCHMIDT et al. [330]	152	74,34	0,153	25,66	0,518
Köln	DAHR [66]	6 478	73,62	10,358	26,38	34,929
Hessen	WENDT et al.[408]	159	72,32	0,476	27,68	1,605
	Summe	29 189		26,162		88,246
	Frequenz-Mittelwerte		77,13		22,87	
	Frequenzen nach HUMMEL		80,2		19,8	

$\text{Chi-Quadrat}_{(12)} = 114{,}408 \rightarrow p << 0{,}05$

Tab. 17 Hessische Phänotypen-Frequenzen im P-System in Prozent

Population	Autoren	N	P		p	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	WENDT et al.[409]	32	81,25	0,018	18,75	0,067
Marburg	eigene Befunde	668	80,69	0,197	19,31	0,750
Hessen	WENDT et al.[408]	159	72,32	0,937	27,68	3,577
Summe		859		1,152		5,546
Frequenz-Mittelwerte			79,16		20,84	
Frequenzen nach HUMMEL			80,2		19,8	
$Chi\text{-}Quadrat_{(2)}$ = 6,698 → 0,05 > p > 0,025						

Vergleicht man in Tabelle 18 die Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk mit einem (vorläufigen!) hessischen Mittelwert, so zeigt sich eine recht gute Übereinstimmung.

Tab. 18

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen (s.o.)	Differenz
P	80,20	79,16	- 1,04
p	19,80	20,84	+ 1,04

Wie im vorher beschriebenen System läßt sich auch hier trotz der hochsignifikanten Verteilungs-Heterogenität innerhalb Deutschlands kein genetisches Gefälle der beiden Gene feststellen. Dies bestätigen auch die in Tabelle 19 zusammengestellten Stichproben aus einigen an Deutschland angrenzenden Ländern.

Tab. 19 Europäische Phänotypen-Frequenzen im P-System in Prozent

Population	Autoren	P	p
Schweiz	BERINGER[31]	82,27	17.73
Florenz	CHIODI [61]	82,0	18,0
Dänemark	ANDRESEN [6]	81,62	18,38
Frankreich	CAZAL und MATHIEU [59]	81,47	18,53
Österreich	SPEISER und WEIGL [370]	81,33	18,67
Polen	KELUS et al. [190]	81,0	19,0
Holland	LOGHEM und BERKHOUT [227]	80,5	19,5
Schweiz	LEGRAIN [222]	79,92	20,08
Triest	BELSASSO und VALENTE [21]	79,67	20,33
Dänemark	HENNINGSEN [148]	78,85	21,15
Kopenhagen	HENNINGSEN [147]	78,6	21,4
Frankreich	MOULLEC und KHERUMIAN [248]	78,31	21,69
Norwegen	LUNDEVALL [231]	77,85	22,15
CSSR	SANGER et al.[323]	76,24	23,76
Dänemark	SKOV et al. [357]	76,16	23,84
Belgien	GROSJEAN [106]	75,77	24,23
Österreich	SPEISER und MOHL [368]	70,83	29,17
Rom	SICILIANO und MITTIGA [354]	65,5	34,5

5. Duffy(Fy)-System

Das Merkmal Duffy (=Fy) wurde 1950 von CUTBUSH et al. aufgrund einer bis dahin unbekannten Antikörper-Reaktion bei einer Patientin namens Duffy gefunden. Etwa ein Jahr später konnte von IKIN et al. ein zweiter Faktor, der sich vom zuerst beschriebenen Fy(a) serologisch unterschied, beschrieben werden; er wurde mit Fy(b) bezeichnet. In den letzten Jahren sind weitere außerordentlich seltene Fy-Untergruppen untersucht worden, die aber für Gutachtenfälle nur ausnahmsweise von Bedeutung sind.

Die Duffy-Rezeptoren, deren genaue chemische Struktur bisher nicht aufgeklärt ist, befinden sich ebenfalls an der Erythrozyten-Oberfläche. - Aus dem Vorhandensein bzw. Fehlen der beiden kodominant vererbten Gene Fy^a und Fy^b ergeben sich die folgenden vier Phänotypen-Konstellationen:

Fy(a+b-), Fy(a+b+), Fy(a-b+) und Fy(a-b-).

Der letzte Phänotyp ist in HUMMELs Tabellenwerk wegen seines außerordentlich seltenen Vorkommens in der weissen Bevölkerung nicht aufgeführt. In der Literatur wurde nur eine Populations-Stichprobe [376] mit einer Probandenzahl von über 3 000 beschrieben, in der dieser Phänotyp mit einer Häufigkeit von 0,2 % ermittelt wurde. Anhand des eigenen Untersuchungsmaterials aus dem Raume Marburg wurde er unter insgesamt etwa 1 900 Probanden mit einer Häufigkeit von 0,595 % festgestellt.

Es ist bemerkenswert, daß die früher bereits vermutete Korrelation dieses Systems mit dem Rh-System inzwischen sicher festgestellt wurde (GRZESCHICK [110], siehe dort weitere Literatur): sie werden beide von Genorten, die auf Chromosom 1 lokalisiert sind, gesteuert. Dadurch

wird das gleichzeitige Auftreten von Sondertypen in diesen Systemen erklärt (SCHLEYER et al. [329]). Die Kenntnis von der Korrelation des Rh- und des Duffy-Systems muß in HUMMELs Tabellenwerk noch berücksichtigt werden, das bisher von einer unabhängigen Vererbung der beiden Systeme ausgeht.

Die Ausschlußchance für Nichtväter beträgt bei Berücksichtigung der Merkmale Fy(a) und Fy(b) 18 % (SPEISER [364]).

Bei der Zusammenstellung der einzelnen deutschen Populations-Stichproben konnte auf einen Regional-Vergleich der hessischen Stichproben verzichtet werden, da, wie die folgenden Tabellen zeigen, innerhalb Deutschlands Verteilungs-Homogenität besteht.

Aus der Literatur konnten Stichproben zusammengestellt werden, in denen isoliert das Vorhandensein bzw. Fehlen des Gens Fy^a mit den Phänotypen Fy(a+) und Fy(a-) berücksichtigt wurde sowie Stichproben, die die Kombination der Gene Fy^a und Fy^b mit den Phänotypen Fy(a+b-), Fy(a+b+) und Fy(a-b+) erfassen.

In Tabelle 20 werden 11 Stichproben mit insgesamt 19 086 Probanden verglichen. Nach dem Chi-Quadrat-Verfahren ergibt sich bezüglich dieser Phänotypen-Frequenzen Verteilungs-Homogenität innerhalb Deutschlands ($Chi\text{-}Quadrat_{(10)} = 8{,}010$; $0{,}70 > p > 0{,}60$).

Ein Vergleich der Phänotypen-Frequenzen nach HUMMEL mit einem gesamtdeutschen Mittelwert zeigt nur eine relativ geringe Abweichung (1,4 %) (Tabelle 22, Angaben in Prozent).

Die Verteilung der Phänotypen-Frequenzen des Systems

Fy(a,b) ist anhand von 7 deutschen Populations-Stichproben mit insgesamt 15 296 Probanden in Tabelle 21 zusammengestellt. Bei Chi-Quadrat$_{(12)}$ = 14,491 und $0,30 > p > 0,20$ wird auch hier eine homogene Verteilung der Frequenzen nachgewiesen.

Tab. 20 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Duffy-System in Prozent bei Beschränkung auf Fy(a)

Population	Autoren	N	Fy(a+)		Fy(a-)	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Berlin	BLUMENTHAL u. PETTENKOFER [38]	108	69,9	0,089	30,1	0,178
Saarland	ABIAD [1]	926	69,2	0,622	30,8	1,266
Mainz	ALLMARAS [5]	815	69,1	0,476	30,9	0,971
Marburg	eigene Befunde	1 898	67,86	0,164	32,14	0,334
Rheinl.-Pfalz/ Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 059	67,31	0,020	32,69	0,040
Hessen	SPIEL-MANN et al. [376]	3 768	67,04	0,002	32,96	0,004
München	BERG et al. [30]	4 517	67,04	0,003	32,96	0,006
Rheinl.-Pfalz/ Saar	WALTER et al. [403]	888	66,3	0,078	33,7	0,160
Leipzig	VETTER u. WEGNER [393]	2 000	65,81	0,503	34,19	1,027
Würzburg	ELTEN [78]	613	65,58	0,211	34,42	0,432
Freiburg	RITTER [297]	494	64,57	0,470	35,43	0,954
	Summe	19 086		2,638		5,372
	Frequenz-Mittelwerte		67,10		32,9	
	Frequenzen nach HUMMEL		65,70		34,3	

Chi-Quadrat$_{(10)}$ = 8,010 → $0,70 > p > 0,60$

Tab. 21 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Duffy-System in Prozent bei Berücksichtigung von Fy(a) und Fy(b)

Population	Autoren	N	Fy(a+b-) %	Fy(a+b-) D^2/E	Fy(a+b+) %	Fy(a+b+) D^2/E	Fy(a-b+) %	Fy(a-b+) D^2/E
Marburg	eigene Befunde	1 503	19,96	4,095	47,57	0,567	32,47	0,320
Hessen	SPIELMANN et al. [376]	3 766	18,40	0,872	48,67	0,051	32,93	0,166
München	BERG et al. [30]	4 517	17,89	0,041	49,15	0,043	32,96	0,162
Leipzig	VETTER und WEGNER [393]	2 000	17,24	0,293	48,57	0,059	34,19	0,475
Würzburg	ELTEN [78]	613	17,08	0,137	48,50	0,029	34,42	0,227
Freiburg	RITTER [297]	494	16,80	0,254	47,77	0,135	35,42	0,665
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	2 403	15,90	4,694	50,44	1,115	33,66	0,091
	Summe	15 296		10,386		1,999		2,106
	Frequenz-Mittelwerte		17,76		48,93		33,31	
	Frequenzen nach HUMMEL		17,16		48,54		34,30	

$\text{Chi-Quadrat}_{(12)} = 14{,}491 \Rightarrow 0{,}30 > p > 0{,}20$

Vergleicht man den Stichproben-Mittelwert der Tabelle 21 mit HUMMELs Frequenzen, so liegt hier die Abweichung noch unter 1 % (Tabelle 23, Angaben in Prozent), wogegen die Frequenzen des eigenen Untersuchungs-Materials etwas stärker abweichen. Sie liegen aber noch im Bereich einer Verteilungs-Homogenität.

Tab. 22

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Deutschland	Differenz
Fy(a+)	65,70	67,10	+ 1,4
Fy(a-)	34,30	32,90	- 1,4

Tab. 23

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Deutschland	Differenz
Fy(a+b-)	17,16	17,76	+ 0,60
Fy(a+b+)	48,54	48,93	+ 0,39
Fy(a-b+)	34,30	33,31	- 0,99

Überlegungen hinsichtlich eines genetischen Gefälles innerhalb Deutschlands erübrigen sich hier. Der Vollständigkeit halber sei trotzdem in Tabelle 24 eine Übersicht über die Frequenzen in einigen angrenzenden europäischen Regionen zusammengestellt.

Tab. 24 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Duffy-System in Prozent

Population	Autoren	N	Fy(a+)	Fy(a-)
Budapest	JOÓ-SZABADOS [179]	480	71,9	28,1
Österreich	SORGO und PISO [362]	939	66,77	33,23
Schweiz	HOLLÄNDER [163]	417	65,95	34,05
Schweiz	LEGRAIN [222]	2 554	65,58	34,42
Schweiz	BERINGER [31]	2 729	65,23	34,77
Holland	VAN DER HEIDE und LOGHEM [130]	212	59,91	40,09

6. Kidd(Jk)-System

1951 brachte eine Frau namens Kidd ein erythroblastotisches Kind zur Welt. Als Ursache der Erkrankung konnten ALLEN et al. [4] einen Blutfaktor nachweisen, der nach der Patientin benannt wurde (Symbol:Jk(a)). Zwei Jahre später wurde im Zusammenhang mit einem Transfusions-Zwischenfall der zweite Faktor dieses Systems nachgewiesen: Jk(b).

Die chemische Struktur der Jk-Rezeptoren an Erythrozyten konnte bis heute noch nicht sicher geklärt werden.

Aufgrund zweier kodominant vererbbarer Gene Jk^a und Jk^b ergeben sich die Phänotypen-Möglichkeiten
Jk(a+b-), Jk(a+b+), Jk(a-b+) und Jk(a-b-).
Der zuletzt benannte Phänotyp konnte bislang nur bei Asiaten nachgewiesen werden.

Hier beträgt die Ausschlußchance für Nichtväter bei Einbeziehung der Merkmale Jk(a) und Jk(b) 19 % (SPEISER [364]).

Das bisher erst in relativ geringer Zahl vorliegende populationsgenetische Untersuchungs-Material konnte bezüglich der deutschen Werte durch die eigenen Befunde aus dem Marburger Raum ergänzt werden.

Es ergeben sich auch hier, wie bei dem vorher besprochenen System zwei Betrachtungs-Möglichkeiten und zwar einmal der Frequenz-Vergleich der Phänotypen unter Nichtberücksichtigung des Gens Jk^b (Jk(a+) und Jk(a-)) und zum anderen der Frequenz-Vergleich der Phänotypen Jk(a+b-), Jk(a+b+) und Jk(a-b+).

Die Frequenz-Verteilung der Phänotypen im erstgenannten System ergibt sich aus Tabelle 25. Bei Chi - Quadrat$_{(3)}$ = 2,210 und damit $0,60 > p > 0,50$ liegt ausgesprochen homogene Frequenz-Verteilung vor. - Die Abweichung der Frequenz-Mittelwerte von den der Berechnung der ESSEN-MÖLLER-Werte zugrundegelegten ist geringfügig (Tabelle 26, Angaben in Prozent).

Tab. 25 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Kidd-System in Prozent bei Beschränkung auf Jk(a)

Population	Autoren	N	Jk(a+)		Jk(a-)	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Bayern	HOROWICZ[168]	390	76,92	0,050	23,08	0,159
Hessen	SPIEL-MANN et al.[373]	1 010	76,73	0,085	23,27	0,270
Marburg	eigene Befunde	277	75,81	0,000	24,19	0,002
Rheinl.-Pfalz/ Saar	ARNDT-HANSER und WALTER[10]	458	73,40	0,398	26,60	1,246
Summe		2 135		0,533		1,677
Frequenz-Mittelwerte			75,93		24,07	
Frequenzen nach HUMMEL			76,40		23,60	
Chi-Quadrat$_{(3)}$ = 2,210 → $0,60 > p > 0,50$						

Tab. 26

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Deutschland	Differenz
Jk(a+)	76,40	75,93	- 0,59
Jk(a-)	23,60	24,07	+ 0,59

Vergleicht man anhand der vier Stichproben der Tabelle 27 die Verteilung der Phänotypen-Frequenzen, so ergibt sich auch hier Homogenität (Chi-Quadrat$_{(6)}$ = 5,660; $0{,}10 > p > 0{,}05$). Die Abweichung der deutschen Mittelwerte von den Frequenzen nach HUMMEL ist jedoch größer (Tabelle 28, Angaben in Prozent).

Tab. 27 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Kidd-System in Prozent bei Berücksichtigung von Jk(a) und Jk(b)

Population	Autoren	N	Jk(a+b-) %	Jk(a+b-) D^2/E	Jk(a+b+) %	Jk(a+b+) D^2/E	Jk(a-b+) %	Jk(a-b+) D^2/E
Marburg	eigene Befunde	131	19,08	1,311	54,96	0,255	25,95	0,168
Rheinl.-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER[10]	458	22,50	0,452	50,90	0,072	26,60	1,150
Hessen	SPIELMANN et al.[373]	1 010	24,26	0,021	52,47	0,094	23,27	0,348
Bayern	HOROWICZ[168]	390	27,00	1,354	49,92	0,238	23,08	0,197
Summe		1 989		3,138		0,659		1,863
Frequenz-Mittelwerte			24,03		51,78		24,18	
Frequenzen nach HUMMEL			26,40		50,00		23,60	

Chi-Quadrat$_{(6)}$ = 5,660 → $0{,}10 > p > 0{,}05$

Tab. 28

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwert Deutschland	Differenz
Jk(a+b-)	26,4	24,03	- 2,37
Jk(a+b+)	50,0	51,78	+ 1,78
Jk(a-b+)	23,6	24,18	+ 0,58

Aufgrund der geringen Stichprobenzahl mag die Verteilungs-Homogenität noch nicht als gesichert angesehen werden. Da die Stichproben jedoch aus geographisch unterschiedlichen Regionen stammen und die jeweilige Probandenzahl auch relativ groß ist, sollte zumindest keine allzugroße Heterogenität in diesem System erwartet werden.

In Tabelle 29 sind wieder Populations-Stichproben einiger außerdeutscher europäischer Regionen zusammengestellt. Es ergibt sich daraus kein Hinweis auf ein genetisches Gefälle innerhalb Europas.

Tab. 29 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Kidd-System in Prozent

Population	Autoren	N	Jk(a+)	Jk(a-)
Wien	SPEISER et al.[367]	257	78,59	21.40
Schweiz	HALLE et al.[118]	1 000	78,30	21,70
Italien	GIORDA[98]	110	76,36	23,64
Norwegen	LUNDEVALL[232]	1 816	75,61	24,35

7. Rhesus(Rh)-System

1940 wurde von LANDSTEINER und WIENER das kompliziert strukturierte Rhesus-System beschrieben. Wenig später konnte der Zusammenhang dieses Systems mit der häufigsten und schwersten Form des Morbus haemolyticus neonatorum erkannt werden. Auch bei diesem Merkmal handelt es sich um genetisch determinierte Varianten der Erythrocyten-Membran, deren molekulare Struktur bisher noch nicht vollständig geklärt ist.

Die Kombination eines Dreier-Allelen-Komplexes, der mit CDE bzw. cde bezeichnet wird, führt zu Phänotypen-Komplexen mit insgesamt 6 Allelen in den möglichen Kombinationen. Die genetische Zusammengehörigkeit der 3 Allele kann bis auf wenige Ausnahmen im Phänotyp nicht erkannt werden. Man benennt daher die möglichen Phänotypen wie folgt:

ccddee (rr) [x]	ccD.EE (R_2R_2)	CcD.Ee (R_1R_2)	CCD.ee (R_1R_1)
ccddEe (r"r)	Ccddee (r'r)	CcD.EE (R_zR_2)	CCD.Ee (R_zR_1)
ccddEE (r"r")	CcddEe (r'r")	CCddee (r'r')	CCD.EE (R_zR_z)
ccD.ee (R_or)	CcddEE (r_yr")	CCddEe (r_yr')	
ccD.Ee (R_2r)	CcD.ee (R_1r)	CCddEE (r_yr_y)	

(nach PROKOP und GÖHLER [271]).

Einige dieser Phänotypen kommen bei uns praktisch nicht vor (CcddEE, CCddEE, CCddEe und CCD.EE). Sie wurden deshalb auch in HUMMELs Tabellenwerk nicht aufgenommen. Zu finden sind dort zusätzlich einige Kombinationen mit den seltenen C^w- und D^u-Allelen, auf die jedoch in dieser Arbeit wegen Mangels an Vergleichsmaterial verzich-

---

x) Es wird die Nomenklatur von FISHER und RACE verwendet; zur Information ist in Klammern die nach WIENER angegeben mit den für die jeweilige Konstellation häufigsten Komplexen (nach PROKOP und GÖHLER [271]).

tet wurde. Ebenso wurden die in der forensischen Praxis gelegentlich bedeutsamen Deletions-Typen hier nicht berücksichtigt (siehe dazu auch: SCHLEYER et al.[329]), wegen des bisher zu geringen Zahlenmaterials bezüglich ihrer Frequenzen.

Nach SPEISER [364] besteht im Rh-System eine Auschlußchance in Vaterschafts-Gutachten von 29 %.

Auf eine Gen-Koppelung dieses Merkmal-Systems mit dem System Duffy wurde bereits hingewiesen.

Tabelle 30 zeigt die Verteilung der Rh-Phänotypen in Deutschland. Bei $\text{Chi-Quadrat}_{(192)} = 686{,}513$ und $p \ll 0{,}05$ ergibt sich außerordentlich starke Verteilungs-Heterogenität. Betrachtet man jedoch nur die Phänotypen-Frequenzen der Spalten 1, 4, 8, 9 und 12, die allein 94,71 % des Untersuchungs-Materials ausmachen, so ergibt sich ein $\text{Chi-Quadrat}_{(80)}$ von 152,018; die Signifikanzgrenze $p = 0{,}05$ beträgt bei 80 Freiheitsgraden 101,879. Der Frequenz-Vergleich der restlichen 8 Phänotypen, die insgesamt nur 5,3 % des gesamten Untersuchungs-Materials ausmachen, weist ein $\text{Chi-Quadrat}_{(128)}$ von 534,495 auf; die Signifikanzgrenze liegt hier bei 155,405. Aus diesem Zahlenvergleich geht hervor, wie stark der Bereich der sehr kleinen Frequenzen den Chi-Quadrat-Wert beeinflußt. Eine Beurteilung der Frequenz-Verteilung ist daher für die hier untersuchten Populations-Stichproben problematisch, da ein außerordentlich großes Zahlenmaterial pro Stichprobe zur Verfügung stehen müßte, um die kleinen Frequenz-Bereiche unter 0,1 % (sehr oft sogar unter 0,01 %) objektiv zu erfassen. Wollte man zum Beispiel den Phänotyp CCD.Ee mit mindestens 10 bis 15 Personen erfassen, so müßte die Proban-

Tab. 30 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Rhesus(Rh)-System

Population	Autoren	N	ccddee	
			%	D^2/E
Deutschland	PETTENKOFER und VOIGT [262]	1 426	19,57	9,454
Nordbaden	WALTER [398]	109	18,30	0,287
Hamburg	WERNER [413]	4 679	18,16	13,196
Hessen	WENDT et al. [408]	166	18,07	0,326
Hamburg	HOPPE [166]	10 000	16,73	1,244
Schlesw.-Holst.	DITTES [71]	7 812	16,72	0,920
München	WELSCH [405]	6 500	16,23	0,010
Mainz	HÜTER [176]	3 605	16,18	0,026
Marburg	eigene Befunde	1 896	16,14	0,023
Mecklenburg	KREIL [206]	7 093	16,11	0,119
Rheinl.-Pfalz	WALTER [398]	1 268	15,10	1,153
Würzburg	ELTEN [78]	2 213	15,05	2,065
Freiburg	RITTER [298]	2 000[a]	15,00	2,013
Rheinl.-Pfalz/ Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 113	14,62	5,294
Bonn/Kiel	NAGEL et al. [253]	2 472	14,40	5,359
Hessen	WALTER [398]	477	13,20	2,766
Westfalen	WALTER [398]	904	12,90	6,185
Summe		55 733		50,440
Frequenz-Mittelwerte			16,28	
Frequenzen nach HUMMEL			16,72	

$\text{Chi-Quadrat}_{(192)} = 686{,}513$

$p << 0{,}05$

Abweichung der Mittelwerte von den Frequenzen nach HUMMEL	- 0,44
Abweichung der Frequenzen aus eigenen Befunden von den Frequenzen nach HUMMEL	- 0,58

a) Phänotypen-Frequenzen nach gegebenen Gen-Frequenzen berechnet.

Fortsetzung Tab. 30

2 ccddEe		x) 3 ccD.ee		4 ccD.Ee		5 ccD.EE	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
0,0	7,130	1,75	0,092	9,26	6,906	1,26	4,133
0,89	0,380	1,8	0,023	6,52	2,543	0,61	0,662
0,0	23,395	1,47	0,872	11,22	0,675	2,09	0,096
0,60	0,034	1,81	0,025	10,84	0,088	0,60	1,666
0,37	3,380	1,46	2,188	11,98[b]	1,053	2,06	0,044
0,55	0,397	1,74	0,392	12,1	1,463	2,33	3,458
0,47	0,069	1,72	0,210	12,03	0,898	1,83	1,271
0,59	0,491	1,78	0,343	11,27	0,419	2,19	0,463
0,37	0,649	1,37	0,893	11,87[c]	0,092	2,11	0,059
1,24	77,821	1,76	0,542	11,28	0,752	1,73	3,059
0,59	0,069	2,0	0,795	12,14	0,289	2,36	0,705
0,22	3,324	1,4	0,833	10,25	3,584	1,99	0,019
0,3	1,600	0,7	10,939	11,9	0,152	2,20	0,285
0,16	7,171	1,89	1,135	11,70	0,011	1,99	0,022
0,77	3,567	2,02	2,081	11,25	0,313	1,70	1,334
0,39	0,124	1,50	0,096	13,80	1,997	3,40	4,122
0,39	0,060	3,09	11,477	12,90	1,122	2,76	2,409
	129,661		32,936		22,357		23,813
0,50		1,65		11,63		2,03	
0,40		1,46		11,65		1,98	
+ 0,10		+ 0,19		- 0,02		+ 0,05	
- 0,03		- 0,09		+ 0,22		+ 0,13	

b) Aufteilung der bei HOPPE[166] und NAGEL[253] zusammengefaßten Phänotypen-Frequenzen der Spalten 4 und 5 bzw. 9 und 10 im Verhältnis der entsprechenden Frequenzen aus den HUMMEL-Tabellen.

c) darin: D^u mit 0,105 %.

Fortsetzung Tab. 30

Population	6 Ccddee		7 CcddEe		8 CcD.ee	
	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Deutschland	0,0	12,121	0,0	0,143	33,66	1,219
Nordbaden	0,0	0,927	0,0	0,011	41,53	1,066
Hamburg	0,0	39,772	0,0	0,468	36,38	1,257
Hessen	0,0	1,410	0,0	o,017	39,76	0,891
Hamburg	1,01	3,012	0,0	1,000	35,58	0,092
Schlesw.-Holst.	1,00	2,026	0,04	6,305	33,90[d]	4,989
München	0,80	0,191	0,0	0,650	34,72	0,920
Mainz	1,11	2,858	0,03	1,134	34,75	0,421
Marburg	1,00	0,516	0,05	3,468	37,93[e]	3,406
Mecklenburg	1,59	46,080	0,04	7,398	36,18	1,208
Rheinl.-Pfalz	0,89	0,005	0,0	0,127	35,33	0,002
Würzburg	0,45	4,127	0,0	0,221	36,11	0,311
Freiburg	0,30	7,118	0,0	0,200	35,20	0,023
Rheinl.-Pfalz/ Saar	0,54	3,382	0,0	0,311	37,13[f]	2,268
Bonn/Kiel	0,40	4,771	0,0	0,247	35,56	0,017
Hessen	1,65	3,838	0,0	0,048	32,20	1,489
Westfalen	0,88	0,013	0,0	0,090	34,27	0,313
		132,167		21,838		19,891
	0,85		0,01		35,40	
	0,95		0,02		1,07 (C^w) 34,76	
	- 0,10		- 0,01		- 0,43	
	+ 0,05		+ 0,03		+ 2,10	

d) darin: C^w mit 1,41 %

e) darin: C^w mit 1,64 % und D^u mit 0,21 %

f) darin: C^w mit 1,22 %

Fortsetzung Tab. 30

9 CcD.Ee		10 CcD.EE		11 CCddee		12 CCD.ee		13 CCD.Ee	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
14,94	5,510	0,0	0,713	0,0	0,428	19,28	0,279	0,28	1,619
8,43	1,707	0,0	0,055	0,0	0,033	21,10	0,343	0,89	4,262
11,32	0,495	0,0	2,340	0,0	1,404	17,85	1,744	0,22	1,266
9,03	1,771	0,0	0,083	0,0	0,050	19,28	0,032	0,0	0,249
12,11	2,925	0,03[b]	0,800	0,0	3,000	18,62	0,041	0,05	6,667
12,78[g]	0,019	0,0	3,906	0,01	0,770	18,76[k]	0,031	0,03	2,790
13,04	0,544	0,0	3,250	0,0	1,950	19,04	0,467	0,12	0,314
11,85	2,036	0,11	2,678	0,05	0,779	20,04	3,505	0,05	2,147
12,08[h]	0,614	0,11	5,377	0,0	0,569	16,94[l]	2,923	0,0	2,844
12,34	0,822	0,14	11,743	0,17	45,797	17,17	8,636	0,24	3,802
12,97	0,085	0,0	0,634	0,0	0,380	18,68	0,000	0,0	1,902
13,30	0,556	0,04	0,010	0,09	2,688	20,88	5,716	0,22	0,850
15,40	11,293	0,0	1,000	0,0	0,600	19,00	0,110	0,0	3,000
12,37[i]	0,304	0,0	1,557	0,0	0,934	19,35	0,794	0,35	8,580
13,60[b]	1,479	0,32[b]	37,016	0,04	0,090	19,54	0,976	0,36	7,553
15,30	2,504	0,16	2,426	0,0	0,143	18,10	0,108	0,39	2,304
13,82	0,872	0,18	5,302	0,0	0,271	18,28	0,089	0,48	5,155
	33,536		78,890		59,886		25,794		55,304
12,72		0,05		0,03		18,68		0,15	
0,36 (C^W) 11,87		0,03		0,01		1,09(C^W) 17,51		0,09	
+ 0,49		+ 0,02		+ 0,02		+ 0,08		+ 0,06	
- 0,15		+ 0,08		- 0,01		- 1,66		- 0,09	

g) darin: C^W mit 0,41 %
h) darin: C^W mit 0,32 %
i) darin: C^W mit 0,54 %
k) darin: C^W mit 1,84 %
l) darin: C^W mit 1,53 % und D^u mit 0,05 %

denzahl für diese Stichprobe mindestens 10 000 betragen, bei dem Phänotyp CcddEe erforderte die gleiche Personenzahl eine Stichprobe mit sogar etwa 100 000 Probanden.

So liegt für das Rh-System zwar eine heterogene Frequenz-Verteilung innerhalb Deutschlands vor, die Signifikanz dieser Heterogenität ist jedoch sicherlich bei weitem geringer, als dies aufgrund der vorliegenden Zahlen zunächst scheinen mag.

Auf einen Vergleich der hessischen Frequenzen wurde verzichtet, da dieser bei nur drei Stichproben (zwei davon mit weniger als 500 Probanden) nur sehr geringe Aussagekraft besäße. Statt dessen werden die Frequenzen der eigenen Stichprobe mit denen von HUMMEL verglichen (Tabelle 30 unten). Es ergab sich keine signifikante Abweichung ($\text{Chi-Quadrat}_{(11)} = 11{,}761$; $0{,}50 > p > 0{,}40$).

Ein Gen-Frequenz-Vergleich (Tabelle 31) ergab lediglich für das Tripel cDE eine deutlichere Abweichung von 21 Relativprozent; die übrigen Abweichungen sind geringfügig. (Gen-Frequenz-Berechnung nach RACE und SANGER [276]).

Tab. 31 Gen-Frequenz-Vergleich im Rh-System (Gen-Frequenzen der eigenen Befunde - Gen-Frequenzen nach HUMMEL)

	Gen-Frequenzen der eigenen Befunde	Gen-Frequenzen nach HUMMEL	Differenz	Differenz in Relativ-Prozent
cde	0,40175	0,40894	0,00719	1,7
cdE	0,00460	0,00450	0,00010	2,2
cDe	0,01669	0,01750	0,00810	4,6
cDE	0,16554	0,13638	0,02910	21,0
Cde	0,01225	0,01164	0,00061	5,2
CdE	0,00010	0,00014	0,00004	
CDe	0,39933	0,40703	0,00770	1,9
CDE	0,00100	0,00097	0,00003	

In der Literatur finden sich Hinweise für eine von Nord-West nach Süd-Ost fallende Häufigkeit des Allels C und eine in Gegenrichtung fallende für das Allel D innerhalb Europas. Für Allel E finden sich Anhaltspunkte für eine innereuropäische Nordost-Südwest-Drift (WALTER [397]).

Da in dieser Arbeit kein Vergleich der einzelnen Allele vorgenommen wurde, läßt sich dazu anhand der Tabelle 30 bezüglich Deutschlands nichts aussagen.

Trotzdem seien zum Vergleich die Phänotypen-Frequenzen einiger europäischer Nachbarländer zusammengestellt, die im wesentlichen der innerdeutschen Frequenz-Verteilung entsprechen (Tabelle 32, Angaben in Prozent).

Tab. 32 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Rh-System in Prozent

Population	Autoren	1 N	2 ccddee	3 ccddE	4 ccDee	5 ccDE	6 Ccddee	7 CcddE	8 CcDee	9 CcDE	10 CCddE
Holland	VAN DER HEIDE u.LOGHEM [130]	279	25,09	0,36	0	7,53	1,43	0	32,97	17,56	0
Frankreich	CAZAL et al. [58]	1 672	16,99	0,30	3,41	13,82	0,72	0	35,71	10,89	0
Prag	KOUT [204]	600	15,17	0,17	2,67	12,17	0,50	0	35,83	12,67	0
Dänemark	GÜRTLER und HENNINGSEN [112]	5 500	15,05	0,56	1,44	14,27	0,98	0	34,8	13,98	0,02
Schweiz	HÄSSIG [126]	2 000	14,30	0,35	1,55	13,90	0,70	0,05	33,6	14,75	0
Wien	SPEISER und MOHL [368]	240	12,50	0,42	1,67	12,92	0	0	37,92	12,50	0
Belgien	LEGUEBE [223]	265	11,70	0	3,02	13,21	0	0	36,60	12,45	0,38
Italien	MODIANO et al. [244]	527	11,57	0	2,28	8,92	0,38	0	38,14	10,25	0

Fortsetzung der Tab.32:		11 CCddE	12 CCDee	13 CCDE
Holland	VAN DER HEIDE und LOGHEM [130]	0	15,05	0
Frankreich	CAZAL et al. [58]	0	18,18	0
Prag	KOUT [204]	0	20,50	0,33
Dänemark	GÜRTLER und HENNINGSEN [112]	0	18,35	0,50
Schweiz	HÄSSIG [126]	0	20,35	0,45
Wien	SPEISER und MOHL [368]	0	22,08	0
Belgien	LEGUEBE [223]	0	22,26	0,38
Italien	MODIANO et al.	0	28,27	0,19

B. Serum-Merkmale

1. Haptoglobin(Hp)-System

Das zu den Serumgruppen zählende Haptoglobin-System wurde 1938 von POLONOVSKI und JAYLE [268] beim Studium der Peroxidase-Aktivität des humanen Hämoglobins entdeckt. 1955 konnte SMITHIES (vgl. PROKOP und GÖHLER [271]) die drei verschiedenen Phänotypen Hp 1-1, Hp 2-1 und Hp 2-2 nachweisen, die von den autosomalen Genen Hp^1 und Hp^2 gesteuert werden. Es handelt sich bei diesem System um Glykoproteine der α_2-Fraktion des menschlichen Serums, die das Hämoglobin durch Bildung eines stabilen Komplexes transportfähig machen.

Aufgrund der günstigen Frequenz-Verteilung der beiden Allele ist in diesem System eine Ausschlußchance in Paternitäts-Gutachten von 18 % möglich (SPEISER [364]).

Aus einer Zusammenstellung von 50 deutschen Populations-Stichproben mit insgesamt 71 400 Probanden ergibt sich nach $\text{Chi-Quadrat}_{(98)} = 298{,}607$ und $p \ll 0{,}05$ hochsignifikante Verteilungs-Heterogenität der drei Phänotypen. Die Frequenz-Differenzen zu HUMMELs Tabellenwerk betragen bis zu 12,5 % (Tabelle 33).

In der Region Hessen ist die Verteilung der drei Phänotypen, wie sich aus 12 Stichproben mit 8 436 Probanden ergibt, deutlich homogen ($\text{Chi-Quadrat}_{(22)} = 14{,}188$; $0{,}90 > p > 0{,}80$). Der Mittelwert-Vergleich mit HUMMELs Frequenzen zeigt dagegen deutliche Abweichungen (Tabelle 34 und 35, Angaben in Prozent).

Tab. 33 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Haptoglobin(Hp)-System in Prozent

Population	Autoren		N	Hp 1-1		Hp 2-1		Hp 2-2	
				%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	HEIDE [131]		75	22,7	1,988	46,7	0,041	30,6	0,503
Münster	BAITSCH et al. [16]		201	19,9	1,772	36,8	0,097	33,3	0,063
Dresden	THOMAS und HOFMANN [387]	2	100	19,7	16,284	49,7	0,882	30,6	14,525
Frankfurt	LANGE [217]		414	19,6	3,029	49,7	0,185	30,7	2,798
Bayern	BAITSCH und MEIER [15]		273	19,4	1,825	54,2	1,983	26,4	6,512
Hessen	WENDT et al. [409]		171	19,3	1,064	42,1	1,355	38,6	0,437
Südniedersachsen	JÖRGENSEN und GABRIEL [181]	1	722	19,2	9,453	50,6	1,966	30,2	13,721
Marburg	ZILCH [432]		228	18,4	0,742	45,6	0,338	36,0	0,009
Hessen	LANGE [218]	1	823	17,7	2,851	49,2	0,355	33,0	3,351
Kaufbeuren	BAITSCH und LIEBRICH [14]		437	17,62	0,601	48,28	0,000	34,1	0,270
Nordrhein-Westfalen	WICHMANN [414]	1	253	17,6	1,766	45,5	2,033	36,9	0,587
Leizig	VETTER und SERVAS [392]	3	500	17,6	4,689	53,34	18,506	29,06	41,854
Marburg	CLEVE [63]		232	17,24	0,178	46,55	0,145	36,21	0,026
Marburg, Giessen, Kassel	WENDT [407]		907	17,2	0,643	50,17	0,661	32,64	2,211
Marburg	WENDT [406]	1	184	17,1	0,636	49,7	0,520	33,2	1,898
Deutschland	WENDT und THEILE [412]		375	17,1	0,204	49,3	0,085	33,6	0,414
Bonn und Düsseldorf	HEIFER [136]	2	501	17,1	1,499	46,86	0,782	36,04	0,042

Fortsetzung Tab. 33

Rheinl.-Pfalz	WALTER [397]	1 039	15,8	0,077	47,0	0,324	37,2	0,720
Berlin	MAREK et al. [237]	1 044	15,6	0,173	51,05	1,651	33,33	1,483
Schleswig-Holstein	STÜRNER und CHRISTEN [377]	1 000	15,6	0,174	48,8	0,054	35,6	0,000
Hamburg	HENNING und HOPPE [146]	4 242	15,54	0,931	48,56	0,065	35,9	0,124
Süd-West-Deutschland	WALTER et al. [402]	1 568	15,4	0,562	47,7	0,111	36,9	0,798
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 107	15,3	1,366	46,9	1,254	37,8	4,373
Freiburg	BAITSCH et al. [18]	475	14,7	0,572	42,6	3,268	42,7	6,838
Berlin	BAITSCH und LIEBRICH [14]	301	14,6	0,427	51,8	0,780	33,6	0,347
Berlin	BUNDSCHUH und FALK [51]	1 380	14,6	2,095	47,3	0,270	38,1	2,494
Halle	FRITZ und SIMON [89]	1 000	14,2	2,309	45,8	1,284	40,0	5,491
Berlin	SERFAS und SCHUBERTH [351]	2 246	14,13	5,659	47,42	0,354	38,45	5,261
Baden-Württemberg	RITTER et al. [301]	3 662	14,1	9,442	47,95	0,087	37,95	5,817
Saarland	ABIAD [1]	1 630	13,85	5,184	48,95	0,151	37,2	1,170
Freiburg	RITTER und HINKELMANN [300]	1 042	13,5	4,371	48,8	0,046	37,7	1,335

Fortsetzung Tab. 33

Mecklenburg	GÖHLER und GÖHLER[104]	1	072	17,07	0,589	48,04	0,014	34,89	0,144
Nordrhein-Westfalen	WICHMANN und SCHLEYER[416]	1	468	17,0	0,737	46,3	1,261	36,7	0,533
Nordhessen	IHM und WENDT[177]		847	16,9	0,298	50,3	0,705	32,8	1,811
Freiburg	GOEDDE und WEYRAUCH[101]		212	16,8	0,019	48,4	0,004	34,8	2,044
Heidelberg	KLEIN und KNÜCHEL[193]		703	16,78	0,187	50,64	0,804	32,57	1,785
Deutschland	WALTER und ARNDT-HANSER[401]	2	037	16,7	0,470	47,4	0,317	35,8	0,038
Baden-Württemberg	BAITSCH und LIEBRICH[14]	1	020	16,7	0,339	45,9	1,224	37,3	0,804
Rheinl.-Pfalz	WALTER[396]		493	16,6	0,077	47,9	0,018	35,5	0,001
Göttingen	JÖRGENSEN und RÜBBEROTH[184]		685	16,64	0,112	47,9	0,023	35,5	0,002
Marburg	eigene Befunde	1	879	16,5	0,158	49,7	0,782	33,8	1,683
Hessen	WENDT et al.[408]		442	16,5	0,041	49,1	0,059	34,4	0,176
Köln	HUMMEL et al.[173]	2	350	16,4	0,127	46,8	1,130	36,8	0,997
Westfalen	BAITSCH und LIEBRICH[14]	1	066	16,4	0,054	46,6	0,614	37,0	0,571
Bayern	BAITSCH und LIEBRICH[14]	7	694	16,1	0,007	47,0	2,608	36,9	3,761
Berlin/ Dresden	FALK und PROKOP[80]		728	15,8	0,050	35,3	1,319	38,8	2,220
Marburg	BEURING et al.[33]		234	15,8	0,015	45,7	0,318	38,5	0,546
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER[133]	4	489	15,88	0,169	48,83	0,272	35,29	0,109

Freiburg	HUMMEL et al.[173]	2 680	12,7	11,426	50,0	0,783	37,3	1,551
Norddeutschland	SETH und BERNDT[353]	221	12,2	2,097	45,7	0,307	42,1	2,626
Summe		71 452		99,538		52,195		146,874
Frequenz-Mittelwerte			16,13		48,3		35,58	
Frequenz nach HUMMEL			14,2		46,9		38,9	

Chi-Quadrat$_{(98)}$ = 298,607 → $p << 0,05$

Tab. 34 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Haptoglobin(Hp)-System in Prozent

Population	Autoren	N	Hp 1-1 %	Hp 1-1 D^2/E	Hp 2-1 %	Hp 2-1 D^2/E	Hp 2-2 %	Hp 2-2 D^2/E
Hessen	HEIDE[131]	75	22,7	1,265	46,7	0,098	30,6	0,182
Frankfurt/M.	LANGE[217]	414	19,6	1,263	49,7	0,025	30,7	0,998
Hessen	WENDT et al.[409]	171	19,3	0,407	42,1	1,754	38,6	1,315
Marburg	ZILCH[432]	228	18,4	0,175	45,6	0,599	36,0	0,407
Hessen	LANGE[218]	1 823	17,7	0,212	49,2	0,001	33,0	0,135
Marburg	CLEVE[63]	232	17,24	0,000	46,55	0,333	36,21	0,500
Marburg/Giessen,Kassel	WENDT[407]	907	17,2	0,003	50,2	0,168	32,6	0,212
Marburg	WENDT[406]	1 184	17,1	0,030	49,7	0,069	33,2	0,038
Nordhessen	IHM und WENDT[177]	847	16,9	0,073	50,3	0,203	32,8	0,123
Hessen	WENDT et al.[408]	442	16,5	0,146	49,1	0,001	34,4	0,099
Marburg	eigene Befunde	1 879	16,5	0,648	49,7	0,094	33,8	0,042
Marburg	BEUING et al.[33]	234	15,8	0,288	45,7	0,577	38,5	1,705
Summe		8 436		4,510		3,922		5,756
Frequenz-Mittelwerte (Frequenzen nach HUMMEL s. o.)			17,27		49,21		33,52	

Chi-Quadrat$_{(22)}$ = 14,188 → $0,90 > p > 0,80$

Tab. 35

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
Hp 1-1	14,2	17,27	+ 3,07
Hp 2-1	46,9	49,21	+ 2,31
Hp 2-2	38,9	33,52	- 5,38

Trotz der auffälligen innerdeutschen Verteilungs-Heterogenität der Hp-Phänotypen-Frequenzen läßt sich weder innerhalb Deutschlands, noch anhand einer Zusammenstellung der Frequenzen einiger außerdeutscher europäischer Gebiete ein genetisches Driftverhalten erkennen (Tabelle 36).

Tab. 36 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Haptoglobin-System in Prozent

Population	Autoren	N	Hp 1-1	Hp 2-1	Hp 2-2
Belgien	VAN ROS et al.[318]	610	18,36	46,22	35,41
Italien	HARRIS et al.[123]	120	16,7	47,5	35,0
Österreich	BAITSCH et al.[16]	621	16,1	48,15	35,74
Dänemark	GALATIUS-JENSEN[93]	2 046	16,00	47,30	36,70
Krakau	KOBIELA[199]	2 228	15,8	46,7	37,5
Mailand	BENERECETTI-SANTACHIARA[24]	595	15,6	40,3	44,0
Frankreich	KIRK[192]	2 156	15,44	47,4	36,82
Frankreich	MOULLEC und FINE[247]	406	15,27	49,75	34,98
Schweiz	BÜTLER et al.[57]	920	15,22	48,80	35,97
Schweiz	BERINGER[31]	2 777	15,52	49,55	34,93
Schweden	BECKMANN et al.[19]	1 272	15,1	48,5	36,4
Salzburg	GIBITZ[96]	660	14,7	47,7	37,6
Italien	HARRIS et al.[123]	422	14,57	47,23	38,2
Schweden	TARUKOSKI[383]	1 000	14,4	47,2	38,4
Polen	GIBLETT[97]	3 809	14,4	47,2	38,4
Jugoslawien	GRÜNWALD und HERMAN[109]	459	14,38	45,75	39,87
Norwegen	FLEISCHER und MOHR[87]	5 811	14,21	46,87	38,91
Wien	KAHLICH-KOENNER[187]	695	14,0	48,6	37,4
Polen	KIRK[192]	6 017	13,54	48,23	38,22
Italien	SPEDINI[363]	3 714	13,49	46,23	40,28
Norwegen	FLEISCHER und LUNDEVALL[86]	1 000	13,2	46,2	40,6

2. Gc-System

Auch die seit 1959 (HIRSCHFELD [160]) bekannten Gc-Gruppen (Gc = group specific component) gehören zu den α_2-Globulinen des menschlichen Serums. Ihre biologische Funktion ist die Bindung und der Transport des Vitamins D_3.

Aufgrund der autosomal dominanten Vererbung der beiden Gene Gc^1 und Gc^2 treten die homozygoten Phänotypen Gc 1-1 und Gc 2-2 sowie der heterozygote Phänotyp Gc 2-1 auf. Später gefundene, sehr seltene Varianten sind in forensischer Hinsicht unbedeutend.

Diesem System kommt die Ausschlußchance in Vaterschafts-Gutachten von 16 % zu (SPEISER [364]).

Die Frequenz-Verteilung der Gc-Phänotypen in Deutschland ergibt sich aus Tabelle 37. Bei $\text{Chi-Quadrat}_{(66)} = 163{,}544$ ist $p << 0{,}05$ und damit die Verteilung sehr heterogen. Die Abweichungen der einzelnen Frequenzwerte von HUMMELs Frequenzen betragen bis zu 9 %.

Über die Häufigkeits-Verteilung der drei Phänotypen innerhalb der Region Hessen kann keine sichere Feststellung getroffen werden, da die 4 vorliegenden Populations-Stichproben alle dem Marburger Raum entstammen. Wie zu erwarten, ergibt sich hier keine signifikante Abweichung der Frequenz-Werte untereinander ($\text{Chi-Quadrat}_{(6)} = 1{,}082$ und $0{,}99 > p > 0{,}98$) (Tabelle 38).

Vergleicht man die Marburger Frequenz-Mittelwerte mit den Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk, so ergibt sich recht gute Übereinstimmung (Tabelle 39, Angaben in Prozent).

Tab. 37 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Gc-System in Prozent

Population	Autoren	N	Gc 1-1 %	Gc 1-1 D^2/E	Gc 2-1 %	Gc 2-1 D^2/E	Gc 2-2 %	Gc 2-2 D^2/E
Rheinland-Pfalz	WALTER et al. [407]	747	60,53	11,658	34,54	6,414	4,93	8,804
Bayern	BAITSCH und JENSSEN [13]	208	57,1	1,298	32,8	3,084	10,1	1,106
Leipzig	HOLZHAUSEN et al. [164]	736	56,11	2,982	37,77	1,284	6,12	3,370
Freiburg	BAITSCH et al. [18]	485	55,67	1,605	38,35	0,519	5,98	2,536
Bayern	JENSSEN [178]	719	55,77	2,495	36,44	2,829	7,79	0,052
Norddeutschland	SETH und BERNDT [353]	224	54,91	0,494	40,18	0,003	4,91	2,712
Südwestdeutschland	BAITSCH und RITTER [17]	958	54,5	1,615	38,3	1,066	7,2	0,816
Hessen	THEILE [385]	210	54,02	0,210	38,96	0,099	7,02	0,206
Südwestdeutschland	BAITSCH und RITTER [17]	805	54,29	1,177	38,88	0,478	6,83	1,438
Südbayern	KLOSE [195]	4 403	53,49	3,235	39,47	0,997	7,04	5,360
Marburg	CLEVE, WENDT und THEILE [64, 412]	1 879	53,22	1,029	39,86	0,150	6,92	2,888
Köln	KANZOW und ULBRICH [188]	202	53,0	0,080	40,1	0,005	6,9	0,304
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 091	53,21	1,626	39,42	0,754	7,37	1,647
Hamburg	HENNING und HOPPE [146]	745	52,75	0,212	39,87	0,059	7,38	0,388
Saar/Pfalz	ZIMMERMANN und CASPARI [434]	1 625	52,7	0,452	38,6	1,369	8,7	0,850

Fortsetzung Tab. 37

Freiburg	RITTER nach [183]	3	477	52,2	0,294	40,7	0,061	7,1	3,704
Berlin	SCHLESINGER et al. [328]		854	52,34	0,106	39,81	0,081	7,85	0,036
Marburg	eigene Befunde	1	721	52,47	0,288	39,56	0,315	7,96	0,010
Südniedersachsen	JÖRGENSEN und GABRIEL [181]	1	733	52,0	0,068	39,7	0,228	8,3	0,169
Bonn	HEIFER [135]		639	52,11	0,041	38,5	0,591	9,39	1,471
Bonn	HEIFER [137]	2	248	51,96	0,076	40,04	0,086	8,0	0,001
Hessen	WENDT et al. [409]		258	51,55	0,000	40,69	0,005	7,75	0,025
Südwestdeutschland	HUMMEL et al. [172]	1	200	51,5	0,000	40,5	0,001	8,0	0,001
Freiburg	HUMMEL et al. [173]	2	786	51,1	0,099	40,8	0,082	8,1	0,023
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER [133]	3	483	51,31	0,037	40,4	0,001	8,3	0,310
Dresden	THOMAS und HOFFMANN [386]		632	50,6	0,101	40,7	0,009	8,7	0,356
Dresden	THOMAS und HOFFMANN [387]	1	223	50,6	0,204	39,9	0,084	9,5	3,231
Schleswig-Holstein	HALLERMANN und STÜRNER [120]		400	50,0	0,184	41,0	0,032	9,0	0,469
Ostdeutschland	MAREK et al. [237]	1	922	49,56	1,426	41,68	0,737	8,76	1,212
Köln	HUMMEL et al. [173]	1	837	49,5	1,429	43,4	3,968	7,1	2,072
Berlin	PROKOP und UHLENBRUCK [274]	9	631	49,0	12,074	42,0	5,870	9,0	11,341

Fortsetzung Tab. 37

Rheinland-Pfalz	WALTER et al. [403]	814	48,8	1,209	41,7	0,361	9,5	2,071
Berlin	BUNDSCHUH et al. [53]	1 068	46,4	5,390	43,8	2,869	9,8	4,304
Berlin	MAREK et.al. [237]	1 068	46,5	5,390	43,7	2,870	9,8	4,316
Summe		54 031		58,584		37,369		67,599
Frequenz-Mittelwerte			51,54		40,43		8,03	
Frequenz nach HUMMEL			51,5		40,5		8,0	

Chi-Quadrat$_{(66)}$ = 163,544 p 0,05

Tab. 38 Marburger Phänotypen-Frequenzen im Gc-System in Prozent

Population	Autor	N	Gc 1-1		Gc 2-1		Gc 2-2	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Hessen	THEILE [385]	210	54,02	0,030	38,96	0,010	7,02	0,050
Marburg	CLEVE, WENDT und THEILE [64,412]	1 879	53,43	0,089	39,34	0,014	7,23	0,274
Marburg	eigene Befunde	1 721	52,47	0,069	39,56	0,002	7,96	0,347
Hessen	WENDT et al. [409]	258	51,55	0,093	40,69	0,093	7,75	0,011
Summe		4 068		0,281		0,119		0,682
Frequenz-Mittelwerte			52,93		39,5		7,57	

Frequenzen nach HUMMEL s. o.

Chi-Quadrat$_{(6)}$ = 1,082 → 0,99 > p > 0,98

Tab. 39

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Region Marburg	Differenz
Gc 1-1	51,50	52,93	+ 1,43
Gc 2-1	40,50	39,50	- 1,0
Gc 2-2	8,00	7,57	- 0,43

Trotz der für Deutschland gefundenen deutlichen Verteilungs-Heterogenität der Phänotypen-Frequenzen dieses Systems ergibt sich aus Tabelle 37 kein Hinweis auf ein genetisches Gefälle. - Das gleiche gilt für die in Tabelle 40 zusammengestellten Frequenzen einiger an Deutschland angrenzender europäischer Regionen.

Tab. 40 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Gc-System in Prozent

Population	Autoren	N	Gc 1-1	Gc 2-1	Gc 2-2
Dänemark	MANSA [236]	126	58,73	36,51	4,76
Schweiz	BERINGER [31]	590	55,93	37,46	6,6
Schweden	HIRSCHFELD [161]	1 744	55,73	37,21	7,05
Wien	SPEISER und JANCIK [365]	56	55,4	33,9	10,7
Schweiz	HESS und BÜTLER [158]	200	53,5	35,5	11,0
Norwegen	REINSKOU [287]	2 549	53,8	39,4	6,8
Dänemark	NERSTRØM [254]	370	52,97	37,03	10,0
Wien	HERBICH [149]	1 000	51,4	41,5	7,1
Norwegen	REINSKOU und MOHR [288]	383	52,74	38,9	8,36
Tschechen	WIEDERMANN [423]	254	51,9	40,3	7,8
Holland	LENDERINK et al. [224]	502	49,8	42,4	7,8
Prag	KORINEK und KOUT [202]	228	46,49	43,85	9,64
Polen	KOBIELA et al. [200]	1 930	43,62	45,4	10,98

3. Gm-System

Im Zusammenhang mit der modernen Rheuma-Serologie wurde 1956 von GRUBB und LAURELL [107] der erste Typ des inzwischen mindestens 17 Varianten umfassenden Gm-Merkmal-Systems gefunden. Es handelt sich dabei um genetisch kontrollierte Spezifitäten innerhalb des menschlichen Immunglobulins IgG , die Antigen-Charakter besitzen. Die einzelnen Varianten unterscheiden sich durch Aminosäure-Austausch an bestimmten Stellen der H-Ketten. Die Bezeichnung Gm 1, 2, 3 usw. richtet sich etwa nach der Reihenfolge der Entdeckung der einzelnen Faktoren. Die ursprüngliche alphamerische Nomenklatur wird häufig noch neben der numerischen verwandt (Tabelle 41).

Tab. 41 Alte und neue Nomenklatur der Gm-Merkmale (aus Journal of Immunogenetics 3,357, 1976)

Lokalisation	neue alphamerische	numerische	bisherige Nomenklatur	
IgG1	G1m(a)	G1m(1)	Gm(a)	Gm(1)
	(x)	(2)	(x)	(2)
	(f)	(3)	(b^w),(b2),(f)	(3) (4)
	(z)	(17)	(z)	(17)
IgG2	G2m(n)	G2m(23)	Gm(n)	Gm(23)
IgG3	G3m(b0)	G3m(11)	Gm(bβ),(b0)	Gm(11)
	(b1)	(5)	(b),(b1),(b^y)	(5) (12)
	(b3)	(13)	(b3),(Bet)	(13)(25)
	(b4)	(14)	(b4)	(14)
	(b5)	(10)	(bα),(b5)	(10)
	(c3)	(6)	Gm-like,(c),(c3)	(6)
	(c5)	(24)	Gm-like,(c),(c5)	(24)
	(g)	(21)	(g)	(21)
	(s)	(15)	(s)	(15)
	(t)	(16)	(t)	(16)
	(u)	(26)	(Pa)	
	(v)	(27)	(Ray)	

Es konnte nachgewiesen werden, daß bestimmte Faktoren gekoppelt vererbt werden - man spricht von Haplotypen - und daß die Art dieser Koppelung rassische Unterschiede aufweist. Bei Europäern findet man die folgenden Haplotypen am häufigsten: Gm(1,17,21), Gm(1,2,17,21) und Gm(3,5,13,14) (BENDER [22]).

Die Ausschlußchance für Nichtväter beträgt im Gm-System bei Berücksichtigung der Merkmale Gm(1,2 und 5) 20 %. SPEISER [364] hat diesen Wert zwar für die Merkmale Gm(1,2 und 4) angegeben, da sich jedoch die Frequenzen für Gm(4) und Gm(5) in Europa kaum unterscheiden, gilt dieser Wert auch für die Kombination von Gm(1,2 und 5).

Im Hinblick auf das Ziel dieser Arbeit war es sinnvoll, nur diejenigen Merkmale zu betrachten, die in HUMMELs Tabellenwerk als Grundlage für die Berechnung der ESSEN-MÖLLER-Werte benutzt wurden. Es handelt sich dabei um folgende Merkmal-Systeme:

a. Gm(1) mit den Phänotypen Gm(1) und Gm(-1),
b. Gm(1,2) mit den Phänotypen Gm(1,-2), Gm(1,2) und Gm(-1,-2),
c. Gm(1,2,5) mit den Phänotypen Gm(1,2,5), Gm(1,-2,5), Gm(1,2,-5), Gm(1,-2,-5) und Gm(-1,-2,5),

wobei c. in a. und b.enthalten ist und b. und c. in a. enthalten sind.

a. Gm(1)

Betrachtet man anhand von 46 Populations-Stichproben und insgesamt 61 766 Probanden die Gm(1)- bzw. Gm(-1)-Verteilung aller deutschen Landschaftsräume,so ist bei $\text{Chi-Quadrat}_{(45)} = 309{,}792$ und $p << 0{,}05$ auch hier eine

Tab. 42 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Gm-System bei Beschränkung auf das Merkmal Gm(1)

Population	Autoren	N	Gm(1) %	Gm(1) D^2/E	G(-1) %	G(-1) D^2/E
Göttingen	JÖRGENSEN und LAL [182]	531	69,68	41,482	30,32	41,366
Rheingau	ROPARTZ et al.[317]	149	56,35	1,239	43,65	1,236
Südwest-deutschland	WALTER et al.[402]	965	55,7	6,549	44,3	6,530
Marburg	DEICHER [68]	1 050	55,5	6,580	44,5	6,537
Süddeutsch-land	HUMMEL et al. [170]	2 000	55,0	10,296	45,0	10,272
Leipzig	HUNGER und MARKERT [175]	1 162	54,82	5,563	45,18	5,546
Schleswig-Holstein	HALLERMANN et al. [119]	515	54,76	2,403	45,24	2,397
Schleswig-Holstein	SACHS [321]	618	54,21	2,264	45,79	2,258
Leipzig	GÖHLER et al.[103]	1 207	53,6	3,263	46,4	3,254
Eifel	WIEBECKE [417]	2 249	53,16	4,755	46,8	4,741
Deutsch-land	RIVAT et al.[311]	411	52,8	0,677	47,2	0,673
Mainz	ALLMARAS [5]	200	52,5	0,264	47,5	0,264
Magdeburg	BRANDSTÄTTER und KEITEL [41]	1 024	52,15	1,009	47,85	1,008
Schleswig-Holstein	WIEBECKE [417]	2 000	51,8	1,400	48,2	1,397
Rheinhes-sen	ROPARTZ et al. [317]	234	51,71	0,148	48,29	0,148
Rheinland	WICHMANN [415]	544	51,47	0,258	48,53	0,258
Saarland	ABIAD [1]	662	51,5	0,331	48,5	0,329
Lindau	WIEBECKE [417]	1 300	51,3	0,494	48,7	0,493
Hessen	WIEBECKE et al.[421]	1 997	51,1	0,526	48,9	0,524
Deutsch-land	HUMMEL et al. [172]	2 000	51,1	0,548	48,9	0,547
Bayr.Wald	WIEBECKE [417]	2 000	51,05	0,502	48,95	0,501
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER [133]	3 042	50,92	0,597	49,08	0,596
Marburg	eigene Befunde	1 726	51,0	0,385	49,0	0,384

Fortsetzung Tab. 42

Freiburg	HUMMEL et al.[173]	2 000	50,7	0,269	49,3	0,268
Hessen	WENDT et al.[408]	1 666	50,54	0,124	49,46	0,124
Berlin	FÜNFHAUSEN [90]	1 542	49,87	0,001	50,13	0,001
Freiburg	BAITSCH et al. [18]	118	49,15	0,014	50,85	0,014
Nordrhein-land	HEIFER [134]	1 022	49,02	0,169	50,98	0,168
Würzburg	WIEBECKE et al. [420]	2 000	48,65	0,656	51,35	0,655
Berlin	FÜNFHAUSEN [91]	2 638	48,5	1,105	51,5	1,103
Köln	HUMMEL et al.[173]	1 797	48,3	1,020	51,7	1,016
München	MAISS[235]	200	48,0	0,149	52,0	0,149
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 055	47,9	2,468	52,1	2,460
Leipzig	GÖHLER et al.[103]	5 985	47,5	7,066	52,5	7,045
Freiburg	RITTER et al.[302]	774	47,55	0,882	52,45	0,878
Heidelberg	KLUGE und KRAH [196]	1 100	47,5	1,350	52,5	1,346
Süddeutsch-land	SCHWARZFISCHER [342]	2 307	47,16	3,542	52,84	3,533
Franken	WIEBECKE [417]	3 000	47,07	4,925	52,93	4,912
Leipzig	HUNGER et al.[174]	208	46,6	0,452	53,4	0,451
Hessen	WENDT et al.[409]	270	46.3	0,714	53,7	0,713
Dresden	THOMAS und HOFMANN [387]	379	45,8	1,226	54,2	1,222
Dresden	THOMAS und KAMPF [388]	150	45,6	0,635	54,4	0,634
München	ROPARTZ et al.[314]	131	44,3	0,839	55,7	0,837
Berlin	PROKOP [270]	1 091	43,5	8,927	56,5	8,907
Berlin	PROKOP und ISHIYAMA [272]	660	43,2	6,019	56,8	6,011
Leipzig	GÖHLER [102]	2 087	42,84	21,031	57,16	20,970
	Summe	61 766		155,116		154,676
	Frequenz-Mittelwerte		49,93		50,07	
	Frequenzen nach HUMMEL		51,1		48,9	

Chi-Quadrat$_{(45)}$ = 309,792 → $p << 0,05$

hochsignifikante Verteilungs-Heterogenität festzustellen (Tabelle 42). Es ergeben sich Frequenz-Differenzen zu den von HUMMEL angegebenen bis zu 18,5 %.

Tabelle 43 zeigt einen Vergleich der Gm(1)- bzw. Gm(-1)-Phänotypen-Frequenzen mehrer Stichproben aus Hessen. In der anschließenden Tabelle 44 sind die Mittelwerte der Frequenzen aus Hessen und Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk einander gegenübergestellt. Vergleicht man die hessischen Mittelwerte mit den von HUMMEL angegebenen Frequenzen, so ergibt sich eine gute Übereinstimmung (Tabelle 44, Angaben in Prozent).

Tab. 43 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Gm-System in Prozent bei Beschränkung auf Gm(1)

Population	Autoren	N	Gm(1) %	Gm(1) D^2/E	Gm(-1) %	Gm(-1) D^2/E
Marburg	DEICHER [68]	1 050	55,5	3,250	44,5	3,455
Hessen	WIEBECKE et al. [421]	1 997	51,1	0,079	48,9	0,084
Marburg	eigene Befunde	1 726	51,0	0,099	49,0	0,105
Hessen	WENDT et al. [408]	1 666	50,54	0,317	49,46	0,336
Hessen	WENDT et al. [409]	270	46,3	1,435	53,7	1,524
Rheingau	ROPARTZ et al. [317]	149	56,35	0,679	43,65	0,722
Summe		6 858		5,859		6,226
Frequenz-Mittelwerte			51,53		48,47	
Frequenzen nach HUMMEL			51,1		48,9	
Chi-Quadrat$_{(5)}$ =		12,085 → 0,050 > p > 0,025				

Tab. 46 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Gm-System in Prozent unter Berücksichtigung von Gm(1 und 2)

Population	Autoren	N	Gm(1,-2) %	Gm(1,-2) D^2/E	Gm(1,2) %	Gm(1,2) D^2/E	Gm(-1,-2) %	Gm(-1,-2) D^2/E
Süddeutschland	HUMMEL et al.[170]	2 000	37,1	18,838	17,9	0,701	45,0	8,710
Rheingau	ROPARTZ et al.[317]	149	35,6	0,730	20,8	0,349	43,6	1,089
Eifel	WIEBECKE [417]	2 249	34,35	5,126	18,85	0,024	46,8	3,627
Rheinhessen	Ropartz et al. [317]	234	33,3	0,212	18,4	0,014	48,3	0,087
Lindau	WIEBECKE [417]	1 300	32,8	0,524	18,5	0,010	48,7	0,240
Marburg	eigene Befunde	1 726	33,2	1,324	17,8	0,786	49,0	0,140
Hannover	SCHULTHEIS et al.[338]	400	32,7	0,155	16,3	1,291	51,0	0,146
Deutschland	HUMMEL und IHM [180]	2 000	32,5	0,467	18,6	0,013	48,9	0,226
Bayr. Wald	WIEBECKE [417]	2 000	32,45	0,365	18,65	0,003	48,95	0,197
Deutschland	RIVAT et al. [311]	411	32,35	0,067	20,43	0,656	47,2	0,496
Freiburg	HUMMEL et al.[173]	2 000	32,1	0,164	18,6	0,013	49,3	0,064
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	3 055	32,0	0,134	15,9	12,807	52,1	3,628
Mainz	ALLMARAS [5]	200	31,5	0,001	21,0	0,560	47,5	0,186
Freiburg	RITTER et al. [304]	772	31,47	0,006	15,41	4,481	53,11	1,861
Unterfranken	WIEBECKE [417]	2 000	31,45	0,023	17,25	2,437	51,35	1,164
Hessen	WIEBECKE et al.[421]	1 997	31,6	0,000	19,5	0,551	48,9	0,212
Deutschland	BENDER [22]	500	30,2	0,045	20,0	0,445	49,8	0,002
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER [133]	3 042	30,8	0,729	20,1	3,378	49,1	0,200

Fortsetzung Tab. 46

Schleswig-Holstein	WIEBECKE [417]	2 000	30,5	0,750	21,25	6,896	48,2	0,847
Leipzig	GÖHLER et al. [103]	1 207	30,5	0,505	23,1	12,509	46,4	2,575
Franken	WIEBECKE [417]	3 000	30,4	1,456	16,67	6,698	52.93	6,511
Köln	HUMMEL et al. [173]	1 797	30,3	1,061	18,0	0,520	51,7	1,600
Freiburg	BAITSCH et al. [18]	118	29,7	0,146	19,5	0,038	50,8	0,034
Südwest-deutschland	WALTER et al. [402]	965	29,2	1,784	26,5	31,450	44,3	5,671
Berlin	PROKOP und ISHIYAMA [272]	660	27,6	3,442	15,6	3,398	56,8	6,823
Hessen	WENDT et al. [409]	270	27,4	1,529	18,9	0,004	53,7	0,894
Schleswig-Holstein	SACHS [321]	618	27,3	3,592	26,9	21,873	45,8	1,852
Berlin	PROKOP [270]	1 091	27,0	7,302	16,5	2,853	56,5	10,196
München	ROPARTZ et al. [314]	131	26,7	1,003	17,6	0,093	55,7	0,974
	Summe	37 892		51,480		114,851		60,252
	Frequenz-Mittelwerte		31,64		18,71		49,65	
	Frequenz nach HUMMEL		32,5		18,6		48,9	
	Chi-Quadrat$_{(56)}$	= 226,583 →		p << 0,05				

Tab. 44

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
Gm(1)	51,1	51,53	+ 0,43
Gm(-1)	48,9	48,47	- 0,43

Eine Überprüfung auf Verteilungs-Homogenität aus dem hessischen Stichproben-Material ergibt bei Chi-Quadrat$_{(5)}$= 12,085 und $0,05 > p > 0,025$ eine Verteilungs-Heterogenität, die jedoch nahe der Signifikanzgrenze p= 0,05 liegt.- Verzichtet man bei der Betrachtung auf die beiden Extremwerte Gm(1) = 56,35 % bzw. Gm(-1) = 43,65 % (Stichprobe von ROPARTZ et al. [317]) und Gm(1) = 46,3 % bzw. Gm(-1) = 53,7 % (Stichprobe von WENDT et al. [409]) unter der Annahme eines "Fehlers der kleinen Zahl" (N = 149 und N = 270), so ergibt sich Chi-Quadrat$_{(3)}$ = 7,697 und $0,10 > p > 0,05$ (Tabelle 45). Damit wäre die Verteilung als homogen anzusehen.

Tab. 45 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Gm-System in Prozent (siehe Text)

Population	Autoren	N	Gm(1) %	Gm(1) D^2/E	Gm(-1) %	Gm(-1) D^2/E
Marburg	DEICHER [68]	1 050	55,5	3,067	44,5	3,274
Hessen	WIEBECKE et al. [421]	1 997	51,1	0,123	48,9	0,131
Marburg	eigene Befunde	1 726	51,0	0,143	49,0	0,153
Hessen	WENDT et al. [408]	1 666	50,54	0,390	49,46	0,416
Summe		6 439		3,723		3,974
Frequenz-Mittelwerte			51,64		48,36	
Frequenzen nach HUMMEL			51,1		48,9	
Chi-Quadrat$_{(3)}$ =		7,697	$0,10 > p > 0,05$			

Tab. 47 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Gm-System in Prozent bei Berücksichtigung von Gm(1 und 2)

Population	Autoren	N	Gm(1,-2)		Gm(1,2)		Gm(-1,-2)	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Rheingau	ROPARTZ et al.[317]	149	35,6	0,539	20,8	0,331	43,6	0,905
Marburg	eigene Befunde	1 726	33,2	0,578	17,8	0,871	49,0	0,001
Hessen	WIEBECKE et al.[421]	1 979	31,6	0,163	19,5	0,476	48,9	0,010
Hessen	WENDT et al.[409]	270	27,4	1,896	18,9	0,002	53,7	1,176
	Summe	4 142		3,176		1,680		2,091
	Frequenz-Mittelwerte		32,16		18,76		49,08	
	Frequenzen nach HUMMEL		32,5		18,6		48,9	

Chi-Quadrat$_{(6)}$ = $6,947 \rightarrow 0,40 > p > 0,30$

b. Gm(1,2)

Der Frequenz-Vergleich von 29 Populations-Stichproben und insgesamt 37 892 Probanden der Gm(1,-2)-, Gm(1,2)- und Gm(-1,-2)-Phänotypen in allen deutschen Gebieten ergibt bei Chi-Quadrat$_{(56)}$ = 226,583 und $p \ll 0,05$ wiederum deutliche Verteilungs-Heterogenität (Tabelle 46). Die Abweichungen von den der ESSEN-MÖLLER-Wert-Berechnung zugrunde gelegten Frequenzen beträgt bis ca. 8 %.

Tabelle 47 zeigt einen Vergleich hessischer Stichproben der gleichen Phänotypen. Bei Chi-Quadrat$_{(6)}$ = 6,947 und $0,40 > p > 0,30$ ergibt sich Verteilungs-Homogenität. Die für die jeweiligen Phänotypen berechneten Frequenz-Mittelwerte weichen nur geringfügig von den den HUMMEL-Tabellen zugrunde gelegten Frequenzen ab (Tabelle 48, Angaben in Prozent).

Tab. 48

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
Gm(1,-2)	32,50	32,16	- 0,34
Gm(1,2)	18,60	18,76	+ 0,16
Gm(-1,-2)	48,90	49,08	+ 0,18

c. Gm(1,2,5)

Eine Übersicht über die Verteilung der Merkmale Gm(1,2 und 5) in allen deutschen Regionen zeigt - entsprechend der Erwartung aufgrund der vorausgegangenen Übersichten - Verteilungs-Heterogenität bei Chi-Quadrat$_{(68)}$ = 133,963 und $p < 0,05$ (Tabelle 49). Die Abweichungen von

HUMMELs Frequenzen betragen bis zu ca. 10 %.

In Tabelle 50 werden die entsprechenden Phänotypen-Frequenzen innerhalb Hessens verglichen. Bei Chi-Quadrat$_{(12)}$ = 12,149 und $0{,}50 > p > 0{,}40$ zeigt sich hier Verteilungs-Homogenität. Es ergeben sich folgende Abweichungen der Mittelwerte von den von HUMMEL angegebenen Frequenzen (Tabelle 51):

Tab. 51

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
Gm(1,2,5)	13,4	14,49	+ 1,09
Gm(1,-2,5)	33,3	27,99	- 5,39
Gm(1,2,-5)	4,5	4,85	+ 0,35
Gm(1,-2,-5)	3,8	3,43	- 0,37
Gm(-1,-2,5)	45,0	49,28	+ 4,23

Ein innereuropäisches Frequenz-Gefälle von Nord nach Süd und West nach Ost wurde bereits mehrfach beschrieben (BENDER [22], GRUBB [108]). Wie sich aus Tabelle 42 und 46 ergibt, läßt sich ein solches Gefälle auch innerhalb Deutschlands nachweisen. Tabelle 52 zeigt anhand der Gm(1)-Häufigkeiten in den angrenzenden Ländern deutlich die innereuropäische genetische Drift.

Tab. 49 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Gm-System bei Berücksichtigung von Gm(1,2 und 5)

Population	Autoren	N	Gm(-1,-2,+5) %	D^2/E
München	ROPARTZ et al. [314]	131	55,7	1,126
Franken	WIEBECKE [417]	3 000	52,93	8,402
Unterfranken	WIEBECKE [417]	2 000	51,35	1,844
Marburg	eigene Befunde	117	51,3	0,100
Marburg	DEICHER et al. [69]	270	53,7	1,102
Freiburg	RITTER et al. [304]	772	53,11	2,371
Deutschland	BENDER [22]	500	49,8	0,034
Bayr. Wald	WIEBECKE [417]	2 000	48,95	0,029
Hessen	WIEBECKE et al. [421]	1 997	48,9	0,035
Lindau	WIEBECKE [417]	1 300	48,69	0,073
Rheinhessen	ROPARTZ et al. [317]	234	48,3	0,041
Schlesw.-Holst.	WIEBECKE [417]	2 000	48,2	0,423
Rheinland-Pfalz	WALTER et al. [403]	794	47,9	0,298
Mainz	ALLMARAS [5]	200	47,5	0,120
Deutschland	RIVAT et al. [311]	411	47,2	0,340
Eifel	WIEBECKE [417]	2 249	46,8	2,630
Süddeutschland	HUMMEL et al. [170]	2 000	45,0	7,239
Rheingau	ROPARTZ et al. [317]	149	43,6	0,948
Summe		2o 124		27,155
Frequenz-Mittelwerte			49,22	
Frequenzen nach HUMMEL			45,0	
Chi-Quadrat$_{(68)}$	=	133,963 → p << 0,05		

Fortsetzung Tab. 49

Gm(1,2,-5)		Gm(1,2,5)		Gm(1,-2,-5)		Gm(1,-2,5)	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
3,1	0,734	14,5	0,048	4,6	0,310	22,1	1,945
4,1	2,340	12,6	3,078	3,5	0,057	26,8	3,492
4,15	1,158	13,1	0,793	3,2	1,109	28,25	0,117
1,7	2,197	15,4	0,217	1,7	1,207	29,9	0,064
5,6	0,453	13,2	0,040	2,2	1,508	25,2	1,137
3,24	3,389	12,17	1,464	1,68	8,169	29,79	0,347
5,0	0,116	15,0	0,530	2,8	0,989	27,4	0,277
4,7	0,004	13,95	0,037	3,2	1,369	29,25	0,080
5,1	0,644	14,4	0,490	3,7	0,061	27,9	0,411
5,0	0,303	13,5	0,059	4,0	0,436	28,8	0,005
2,6	2,223	15,8	0,693	5,1	1,401	28,2	0,017
5,9	6,479	15,35	3,527	3,5	0,054	27,0	1,923
4,7	0,000	14,3	0,184	3,8	0,036	29,3	0,123
4,0	0,192	17,0	1,494	5,5	1,875	26,0	0,496
3,64	4,193	16,79	2,679	3,16	0,307	29,19	0,041
5,6	4,188	13,25	0,475	5,2	14,023	29,15	0,203
4,5	0,123	13,4	0,220	3,8	0,123	33,3	15,029
3,4	0,552	17,4	1,447	2,7	0,376	32,9	0,922
	29,288		17,475		33,410		26,635
4,67		13,79		3,65		28,66	
4,5		13,4		3,8		33,3	

Tab. 50 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Gm-System bei Berücksichtigung von Gm(1,2 und 5) - (siehe Text)

Population	Autoren	N	Gm(-1,-2,+5)	
			%	D^2/E
Marburg	DEICHER et al. [69]	270	53,7	1,097
Marburg	eigene Befunde	117	51,3	0,100
Hessen	WIEBECKE et al. [421]	1 997	48,9	0,038
Rheingau	ROPARTZ et al. [317]	149	43,6	0,951
Summe		2 533		2,186
Frequenz-Mittelwerte (Frequenzen nach HUMMEL s. Tab. 49)			49,23	
Chi-Quadrat$_{(12)}$ =		12,149 → 0,50 > p > 0,40		

Fortsetzung Tab. 50

Gm(1,2,-5)		Gm(1,2,5)		Gm(1,-2,-5)		Gm(1,-2,5)	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
5,6	0,279	13,2	0,249	2,2	1,148	25,2	0,758
1,7	2,381	15,4	0,065	1,7	1,010	29,9	0,154
5,1	0,177	14,4	0,019	3,7	0,617	27,9	0,007
3,4	0,686	17,4	0,896	2,7	0,241	32,9	1,276
	3,523		1,229		3,016		2,195
4,85		14,49		3,43		27,99	

Tab. 52 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Gm-System in Prozent unter Berücksichtigung von Gm(1)

Population	Autoren	N	Gm(1)
Norwegen	HEIDE und STEIGLEDER [133]	680	62,3
Norwegen	HARBOE und LUNDEVALL [122]	1 000	61,8
Frankreich	PODLIACHOUK et al. [267]	300	57,33
Schweden	BROMAN et al. [49]	2 215	57,07
Dänemark	LINNET-JEPSEN et al. [226]	1 084	55,63
Holland	ROPARTZ et al. [314]	354	54,8
Seine-Maritime	ROPARTZ et al. [316]	746	53,62
Schweiz (Bern)	HESS et al. [159]	500	52,8
Rouen	ROPARTZ et al. [314]	1 000	51,7
Paris	AUDRAN et al. [12]	705	50,78
Frankreich	ROPARTZ et al. [312]	1 059	50,7
Schweiz	BÜTLER et al. [56]	995	50,6
Schweiz	BERINGER [31]	1 572	50,25
Schweiz	SCHOENFELD [333]	700	49,3
CSSR	ROPARTZ et al. [314]	193	46,1
Prag	HERZOG und VOJTISEK [157]	929	41,87
Polen	PODLIACHOUK et al. [267]	259	40,5

4. Inv-System

Das 1961 von ROPARTZ et al. [313] beschriebene Inv-System betrifft ebenfalls die Immunglobuline. Seine Merkmale sind jedoch im Gegensatz zu denen des Gm-Systems auf den L-Ketten lokalisiert. Bis heute sind drei Varianten bekannt, Inv(1), Inv(2) und Inv(3), die sich - analog den Gm-Varianten - durch Aminosäure-Austausch an bestimmten Stellen der L-Ketten voneinander unterscheiden.

In der Praxis der Vaterschafts-Begutachtung hat jedoch lediglich Inv(1) (hauptsächlich wegen der Schwierigkeiten der Gewinnung spezifischer Antiseren) Bedeutung erlangt. Diese Tatsache hat aber hinsichtlich der Auswertung in Gutachten-Fällen kaum Auswirkungen, da nachgewiesen werden konnte, daß nahezu alle Personen mit Inv(1) auch Inv(2) besitzen und daß die Eigenschaft Inv(-1) praktisch immer dem Typ Inv(3) (homozygot Inv(3)/Inv(3)) entspricht (BENDER [22]).

Die Ausschlußchance für Nichtväter beträgt in diesem System 6 % (SPEISER [364]).

Eine in Tabelle 53 dargestellte Übersicht der Inv(1)-Phänotypen-Verteilung in Deutschland zeigt bei Chi-Quadrat$_{(24)}$ = 73,129 und $p << 0,05$ signifikante Heterogenität (im Gegensatz zu den Untersuchungen von ROPARTZ et al. [314]). Die Maximal-Abweichung der Phänotypen-Frequenzen von den in HUMMELs Tabellenwerk angegebenen liegt bei 4,6 %.

In Tabelle 54 werden die Inv(1)-Phänotypen-Frequenzen einiger Stichproben aus Hessen verglichen. Es ergibt sich bei Chi-Quadrat$_{(3)}$ = 4,153 und $0,30 > p > 0,20$ homo-

Tab. 53 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Inv-System in Prozent

Population	Autoren	N	Inv(1)		Inv(-1)	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Rheinland-Pfalz	WALTER et al. 403	732	17,2	6,022	82,8	0,965
Eifel	WIEBECKE[417]	2 250	16,09	8,203	83,91	1,315
Südwest-deutschland	RITTER et al. 306	487	16,2	2,001	83,8	0,319
Franken	WIEBECKE[417]	3 000	15,93	9,467	84,07	1,520
Marburg	RITTER und WENDT 307	446	15,9	1,381	84,1	0,223
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER und WALTER[10]	3 000	16,0	10,080	84,0	1,618
Marburg	eigene Befunde	880	15,68	2,143	84,32	0,345
Freiburg	HUMMEL et al. 173	1 513	15,6	3,370	84,4	0,540
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER[133]	1 443	14,9	1,317	85,1	0,212
Würzburg	WIEBECKE et al.[420]	2 000	14,65	0,938	85,35	0,151
München	KNEDEL et al. 197	200	14,5	0,061	85,5	0,010
Bayrischer Wald	WIEBECKE[417]	2 000	14,35	0,369	85,65	0,059
Berlin	PROKOP et al. 272	660	13,5	0,061	86,5	0,010
Schleswig-Holstein	WIEBECKE[417]	2 000	13,8	0,002	86,2	0,000
Deutsch-land	RITTER et al. 305	6 780	13,47	0,700	86,53	0,112
Hessen	WIEBECKE et al.[421]	2 000	13,4	0,284	86,6	0,045
Schleswig-Holstein	SACHS 320	546	12,86	0,411	87,14	0,066
Südwest-deutschland	RITTER et al. 303	968	12,6	1,076	87,4	0,172

Fortsetzung Tab. 53

Köln	HUMMEL et al.[173]		949	12,5	1,170	87,5	0,187
Leipzig	HERZOG und HUNGER[156]	2	220	12,2	4,296	87,8	0,690
Rheingau	ROPARTZ et al.		149	12,1	0,345	87,9	0,054
Lindau	WIEBECKE[417]	1	300	11,69	4,347	88,31	0,698
Freiburg	RITTER und DRESCHER[299]		428	11,7	1,451	88,3	0,232
München	ROPARTZ et al.[314]		148	11,5	0,608	88,5	0,096
Rheinhessen	ROPARTZ et al.[317]		237	9,7	2,916	90,3	0,471
	Summe	39	534		63,019		10,110
	Frequenz-Mittelwerte			13,84		86,15	
	Frequenzen nach HUMMEL			12,6		87,4	

$\text{Chi-Quadrat}_{(24)} = 73,129 \rightarrow p < 0,05$

Tab. 54 Hessische Phänotypen-Frequenzen im Inv-System in Prozent

Population	Autoren	N	Inv(1)		Inv(-1)	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Marburg	RITTER u.WENDT[307]	446	15,9	0,792	84,1	0,147
Marburg	eigene Befunde	880	15,68	1,290	84,32	0,213
Hessen	WIEBECKE et al.[421]	2 000	13,4	0,991	86,6	0,161
Rheingau	ROPARTZ et al.[317]	149	12,08	0,483	87,9	0,076
	Summe	3 475		3,556		0,597
	Frequenz-Mittelwerte		14,24		85,76	

(Frequenzen nach HUMMEL s. Tab.53)

$\text{Chi-Quadrat}_{(3)} = 4,153 \rightarrow 0,30 > p > 0,20$

gene Verteilung bei einem hessischen Frequenz-Mittelwert von 14,24 % für Inv(1) und 85,76 % für Inv(-1). Die Abweichung dieses Mittelwertes vom Frequenz-Wert nach HUMMEL zeigt Tabelle 55 (Angaben in Prozent).

Tab. 55

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwert Hessen	Differenz
Inv(1)	12,60	14,24	+ 1,64
Inv(-1)	87,40	85,76	- 1,64

Wie Tabelle 56 mit dem Vergleich der Inv(1)-Phänotypen einiger Nachbarländer zeigt, ergibt sich hier ein deutliches Süd-Nord- und West-Ost-Gefälle (siehe auch RITTER et al.[305]). Anhand der Tabelle 53 läßt sich ein solches Gefälle im Überblick auch innerhalb Deutschlands verfolgen, was die innerdeutsche Heterogenität der Frequenz-Verteilung erklärt.

Tab. 56 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Inv-System in Prozent

Population	Autoren	N	Inv(1)
Italien	RITTER et al.[305]	421	20,66
Frankreich	RITTER et al.[305]	1 217	20,29
Schweiz	LOPES und BÜTLER [229]	600	18,33
Dänemark	ROPARTZ et al. [315]	105	18,09
Holland	ROPARTZ et al. [314]	354	16,1
Holland	RITTER et al. [305]	302	14,57
CSSR	ROPARTZ et al. [314]	190	12,1
CSSR	RITTER et al. [305]	609	11,98

5. Transferrin(Tf)-System

Die Transferrine gehören der Fraktion der β-Globuline des menschlichen Serums an, die eine wesentliche Rolle bei dem Eisentransport spielen. 1958 konnten HORSFALL und SMITHIES [169] in diesem System einen genetisch gesteuerten Polymorphismus nachweisen. Bis heute kennt man etwa 20 Allele, die kodominant vererbt werden.

Im forensischen Paternitäts-Gutachten haben die Phänotypen Tf(C), Tf(CB_2) und Tf(CD_1) Bedeutung erlangt und sind in HUMMELs Tabellenwerk aufgeführt. Obwohl das System in Paternitäts-Sachen nur eine Ausschlußchance von ca. 1 % erreicht, ist es als Ergänzung in Gutachten durchaus von Bedeutung. Denn ein System mit niedriger Ausschlußchance kann einen starken positiven Hinweis auf die Vaterschaft eines Eventualvaters geben, wenn das Kind, dessen Abstammung geklärt werden soll, in einem seltenen Allel mit ihm übereinstimmt, während die Kindesmutter dieses Merkmal nicht trägt.

Es konnten in diesem System anhand von 9 deutschen Populations-Stichproben insgesamt etwa 15 000 Personen typisiert werden. Über die Verteilung in kleineren Regionen kann vorerst wegen des nur in sehr geringer Anzahl vorliegenden Untersuchungs-Materials nichts ausgesagt werden. Für Hessen liegen bisher nur zwei Stichproben (Marburg und Frankfurt) vor, deren Frequenzen sich kaum unterscheiden.

Vergleicht man in Tabelle 57 die 9 deutschen Stichproben (ohne Berücksichtigung der zusammengefaßten seltenen Phänotypen - Spalte "Sonstige" -), so erhält man Chi-Quadrat$_{(24)}$ = 47,162 und damit $p < 0,05$.

Tab. 57 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im Transferrin(Tf)-System in Prozent

Population	Autoren		N	Tf CC		Tf CB_2		Tf CD_1		Tf Sonstige	
				%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Berlin	BUNDSCHUH et al.[52]		843	98,6	0,014	1,2	0,229	0	0,843	0,2	0,306
Frankfurt	LANGE[218]	1	823	98,9	0,100	1,0	2,036	0	1,823	0,1	3,008
Berlin	SMERLING[359]		699	97,56	0,026	1,29	0,043	0	0,699	1,14	12,602
Tübingen	KURZ und RITTER[209]		846	97,75	0,015	2,0	2,429	0,2	1,574	0	2,960
DDR	ROSE[319]	4	167	97,87	0,040	1,2	0,980	0,12	0,166	0,8	25,867
Nordbayern	SITTNER et al.[355]	2	500	99,16	0,250	0,6	11,022	0,08	2,500	0,24	0,864
Köln/ Bensberg	MAUFF et al.[239]	3	380	97,6	0,111	2,2	16,044	0,2	3,877	0	11,830
Marburg	eigene Befunde		272	98,16	0,000	1,84	0,414	0	0,272	0	0,952
Deutschland	HUMMEL et al.[172]		514	97,88	0,004	1,89	1,191	0,22	0,460	0	1,799
Summe			15 044		0,560		34,388		12,214		60,188
Frequenz-Mittelwerte				98,17		1,38		0,10		0,35	
Frequenzen nach HUMMEL				97,88		1,89		0,22		-.-	
Chi-Quadrat$_{(24)}$ =				47,162 → p < 0,05							

Tab. 58 Europäische Phänotypen-Frequenzen im Transferrin(Tf)-System in Prozent

Population	Autoren	N	Tf CC	Tf B_2C	Tf $B_{o-1}C$	Tf $B_{1-2}C$	Tf B_1C	Tf D_1C	Tf CD_2
Jugoslawien	FRASER et al.[88]	615	100,0						
Bulgarien	WALTER et al.[400]	138	100,0						
Schweden	BECKMANN und JOHANNSSON[20] 2	395	98,95			0,92		0,13	
Rom	SERAFINI und SERRA[350]	319	98,95						
Mailand	BENERECETTI-SANTACHIARA[24]	599	98,7			0,3		0,94	
Nordnorwegen	TEISBERG[384]	564	98,23			0,71		1,06	
Südnorwegen	TEISBERG[384] 2	132	98,54			1,26		0,19	

Chi-Quadrat$_{(24)}$ für den kritischen Grenzwert p = 0,05 beträgt 36,415. Das bedeutet für die Frequenz-Verteilung nur schwache Heterogenität, die aber wegen des geringen Zahlenmaterials noch nicht als gesichert anzusehen ist. - Die Abweichungen der in Tabelle 57 zusammengestellten Frequenz-Werte von den in HUMMELs Tabellenwerk veröffentlichten betragen hier nur bis zu 1,3 %. Für dieses System gilt bezüglich des Einflusses der Frequenzen der sehr seltenen Phänotypen auf den Chi-Quadrat-Wert das Gleiche wie für das Rh-System (s. dort).

Aufgrund der geringen Anzahl der vorliegenden Populations-Stichproben kann über ein genetisches Gefälle weder innerhalb Deutschlands noch innerhalb Europas eine sichere Aussage gemacht werden. Der Vollständigkeit halber seien aber auch hier die Phänotypen-Frequenzen aus Stichproben der angrenzenden europäischen Länder zusammengestellt (Tabelle 58).

C. Enzym-Merkmale

1. System der sauren Erythrozyten-Phosphatase (acP)

Zu den erythrozytären Enzym-Merkmalen zählt das System der sauren Erythrozyten-Phosphatase (acP; weitere Bezeichnungen: SEP, EAP, AcP, aP). 1963 wurde von HOPKINSON, SPENCER und HARRIS [165] ein erblich gesteuerter Polymorphismus in diesem System beschrieben. Dabei wurde das Vorhandensein dreier alleler Gene postuliert, die kodominant (6 Geno- bzw. Phänotypen) vererbt werden. Es handelt sich um folgende Typen:

acP(A), acP(AB), acP(AC), acP(B), acP(BC) und acP(C).

Seit Mitte der sechziger Jahre wurden weitere Allele nachgewiesen. Das Zahlenmaterial über deren Frequenz-Verteilungen ist jedoch noch sehr gering.

Die Einbeziehung dieses Systems in die Paternitäts-Begutachtung verbesserte deutlich die Möglichkeit, einen Nichtvater auszuschließen sowie im Fall einer Vaterschaft einen positiven Hinweis zu gewinnen. Das System erreicht wegen der Zahl der Phänotypen mit ihrer günstigen Verteilung eine hohe Ausschluß-Wahrscheinlichkeit von 25 % (SPEISER [364]).

Eine vergleichende Zusammenstellung der acP-Phänotypen-Frequenzen innerhalb Deutschlands wurde anhand von 29 Populations-Stichproben mit insgesamt ca. 33 800 Probanden vorgenommen (Tabelle 59). Bei Chi-Quadrat$_{(140)}$ = 278,996 ergibt sich sehr starke Verteilungs-Heterogenität ($p < 0,05$). Die Abweichungen der Frequenzen von den von HUMMEL angegebenen betragen bis zu 12 % und liegen ohne Berücksichtigung der Extrem-Abweichungen immer noch bei ca. 10 %.

Tabelle 60 zeigt einen Phänotypen-Frequenz-Vergleich 5 hessischer Populations-Stichproben. Es ergibt sich $Chi\text{-}Quadrat_{(20)} = 33{,}594$ und $0{,}05 > p > 0{,}025$. Der kritische Wert für $p = 0{,}05$ beträgt 31,410. Daraus ergibt sich sehr schwache Verteilungs-Heterogenität, sodaß eine Mittelwert-Festsetzung gerechtfertigt erscheint. Tabelle 61 zeigt einen Vergleich dieser hessischen Frequenz-Mittelwerte mit HUMMELs Frequenzen (Angaben in Prozent).

Tab. 61

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
acP(A)	11,1	12,79	+ 1,69
acP(AB)	39,3	42,45	+ 3,15
acP(B)	36,8	33,19	- 3,61
acP(AC)	4,4	4,08	- 0,32
acP(BC)	8,3	7,39	- 0,91
acP(C)	0,1	0,1	-.-

Der starken Verteilungs-Heterogenität der Phänotypen-Frequenzen liegt möglicherweise ein genetisches Gefälle zugrunde. Nach LIE und TEISBERG [225] wird für acP(A) ein Nord-Süd-Gefälle vermutet. Aus Tabelle 59 läßt sich hier für das Gen acP(A) ein genetisches Gefälle herauslesen, welches sowohl von Nord nach Süd als auch von Ost nach West verläuft. Für Gen acP(B) ergibt sich ein gegenläufiges Gefälle. Einige Stichproben widersprechen jedoch dieser Feststellung (GUSSMANN [113], WIEBECKE und BRACKEBUSCH [419]). Man wird auch hier auf weiteres Zahlenmaterial warten müssen, um endgültige Feststellungen zu treffen.

Tab. 59 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im acP-System in Prozent

Population	Autoren	N	acP AA		acP AB	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Erfurt	UHLIG [391]	515	16,12	5,354	38,25	1,072
Leipzig	DÜRWALD und HUNGER [76]	432	15,28	2,647	47,92	4,758
Hamburg	GOEDDE et al. [99]	681	15,0	3,316	43,0	0,564
Dresden	REIMANN und WILLNER [286]	409	14,91	1,890	39,11	0,423
Dresden	REIMANN und SCHULZE [285]	681	14,53	2,238	40,08	0,197
Fulda	SCHWARZ [340]	753	14,34	2,021	40,5	0,083
Rotenburg	ADAMEK [2]	502	13,75	0,612	41,83	0,052
Dortmund	ADAMEK [2]	1 410	13,33	0,766	41,84	0,151
München	GUSSMANN [113]	1 625	13,54	1,373	38,21	3,464
Schleswig-Holstein	HEIDE und STEIGLEDER [133]	1 068	13,25	0,554	40,69	0,073
Hamburg	BRINKMANN [46] und REICH	558	13,44	0,385	39,78	0,263
Berlin	FIEDLER [81]	405	13,08	0,107	37,77	1,137
Marburg	eigene Befunde	1 231	13,16	0,416	41,02	0,007
Berlin	RADAM und STRAUCH [277]	1 188	12,20	0,088	43,43	1,466
Berlin	PROKOP und UHLENBRUCK [274]	1 043	12,75	0,049	43,33	1,177
Heidelberg	KRÜGER et al. [207]	528	12,5	0,000	35,03	4,837
Hamburg	BRINKMANN [44] et al.	7 059	12,42	0,042	41,39	0,078
Gießen	BHASIN und FUHRMANN [34]	199	12,6	0,032	51,75	5,480
Nordbayern	WIEBECKE u. BRACKEBUSCH [419]	2 000	12,3	0,070	41,20	0,000
Rheinland-Pfalz/Saar	ARNDT-HANSER u.WALTER [10]	2 989	12,21	0,213	40,95	0,038
Freiburg	PULVERER et al. [275]	1 800	11,1	3,044	39,3	1,582
Köln	PULVERER et al. [275]	500	10,2	2,133	42,2	0,126

Fortsetzung Tab. 59

acP BB		acP AC		acP BC		acP CC	
%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
35,53	0,169	4,08	0,082	6,02	1,224	0,0	0,824
29,63	2,934	2,54	3,202	4,63	4,323	0,0	0,691
31,3	2,011	4,1	0,082	6,3	0,976	0,3	0,760
34,47	0,000	3,91	0,173	7,58	0,032	0,0	0,654
34,8	0,022	3,96	0,221	6,60	0,496	0,0	1,089
34,13	0,025	3,72	0,670	7,17	0,029	0,13	0,035
31,67	1,139	3,98	0,146	8,17	0,468	0,6	6,032
32,77	1,188	4,54	0,128	7,52	0,061	0,0	2,256
34,58	0,006	4,98	1,557	8,37	2,345	0,3	2,215
33,12	0,667	3,71	1,173	9,07	5,167	0,16	0,000
34,58	0,002	3,58	0,732	8,24	0,621	0,36	1,377
38,27	1,694	3,7	0,378	7,16	0,018	0,0	0,648
32,41	1,513	4,30	0,003	9,1	5,185	0,0	1,970
32,57	1,235	4,63	0,229	6,73	0,594	0,42	5,055
32,79	0,853	4,89	0,726	5,94	2,767	0,3	1,061
41,67	7,933	3,79	0,160	6,82	0,196	0,0	0,845
33,49	1,970	4,45	0,190	7,99	4,061	0,26	3,983
29,65	1,342	4,52	0,015	2,01	7,700	0,0	0,318
35,25	0,353	3,45	3,650	7,7	0,353	0,1	0,450
35,36	0,692	5,85	15,770	5,62	12,039	0,0	4,782
36,8	2,919	4,4	0,045	8,3	2,157	0,1	0,269
35,8	0,257	3,4	1,018	8,2	0,504	0,2	0,050

Fortsetzung Tab. 59

Gießen	ADAMEK et al.[2]	703	10,81	1,621	40,83	0,021
Marburg	RICHTER[293]	343	10,78	0,812	46,93	2,762
Lübeck	SETH und BERNDT[353]	210	9,52	1,497	48,57	2,786
Freiburg	WILLE et al.[424]	300	7,0	7,281	44,67	0,886
Freiburg	GOEDDE et al.[100]	171	7,6	3,293	37,42	0,585
Frankfurt	RENNINGER[29o]	586	11,43	0,543	42,15	0,134
Westdeutschland	RITTER et al.[309]	3 714	11,68	2,018	41,16	0,000
Summe		33 803		44,415		34,130
Frequenz-Mittelwerte			12,51		41,18	
Frequenzen nach HUMMEL			11,1		39,3	

Chi-Quadrat$_{(140)}$ = 278,996 → p << 0,05

Tab. 60 Hessische Phänotypen-Frequenzen im acP-System in Prozent

Population	Autoren	N	acP AA		acP AB	
			%	D^2/E	%	D^2/E
Fulda	SCHWARZ[340]	753	14,34	1,419	40,5	0,670
Marburg	eigene Befunde	1 231	13,16	0,132	41,02	0,590
Gießen	BHASIN und FUHRMANN[34]	199	12,06	0,082	51,75	4,062
Frankfurt	RENNINGER[290]	586	11,43	0,842	42,15	0,012
Marburg	RICHTER[293]	343	10,78	1,075	46,93	1,624
Summe		3 112		3,550		6,908
Frequenz Mittelwerte			12,79		42,45	

(Frequenz nach HUMMEL s. Tab. 59)

Chi-Quadrat$_{(20)}$ = 33,594 → 0,05 > p > 0,025

Fortsetzung Tab. 59

38,55	3,393	3,41	1,389	6,4	0,844	0,0	1,125
33,82	0,042	2,91	1,604	5,53	1,516	0,0	0,549
34,76	0,005	4,28	0,001	2,86	5,751	0,0	0,336
39,0	1,793	3,33	0,700	6,0	0,734	0,0	0,480
53,22	17,126	1,2	3,961	0,58	10,632	0,0	0,274
34,47	0,000	4,6	0,097	7,0	0,094	0,34	1,201
34,95	0,247	4,39	0,020	7,62	0,396	0,19	0,188
34,47	51,530	4,34	38,121	7,34	71,283	0,16	39,517
36,8		4,4		8,3		0,1	

Fortsetzung Tab. 60

acP BB %	D^2/E	acP AC %	D^2/E	acP BC %	D^2/E	acP CC %	D^2/E
34,13	0,200	3,72	0,239	7,17	0,048	0,13	0,081
32,41	0,224	4,30	0,153	9,1	4,861	0,0	1,230
29,65	0,753	4,52	0,096	2,01	7,797	0,0	0,199
34,47	0,096	4,6	0,400	7,0	0,122	0,34	3,476
33,82	0,040	2,91	1,138	5,53	1,590	0,0	0,343
33,19	2,026	4,08	2,026	7,39	14,418	0,1	5,329

Die in Tabelle 62 zusammengestellten Populations-Stichproben des angrenzenden europäischen Auslandes könnten - von wenigen Ausnahmen abgesehen - die obige Aussage stützen. - Die von BRINKMANN [43] vermutete Verteilungs-Homogenität innerhalb Europas kann jedenfalls nicht bestätigt werden.

Tab. 62 Europäische Gen-Frequenzen im acP-System

Population	Autoren	N	acP^a	acP^b	acP^c
Norwegen	LIE und TEISBERG [225]	1 698	0,381	0,560	0,059
Schweden	BROMAN et al. [48]	517	0,372	0,558	0,070
Prag	HERZOG und BOHATOVA [153]	307	0,365	0,578	0,057
Wien	SPEISER und PAUSCH [369]	410	0,365	0,573	0,062
Wien	HERBICH und KAHLICH [150]	406	0,353	0,585	0,062
Dänemark	LAMM [213]	679	0,353	0,591	0,055
Bern	PFLUGSHAUPT et al. [266]	1 365	0,345	0,607	0,049
Kopenhagen	LAMM [212]	470	0,342	0,602	0,065
CSSR	SALAK und PALOUSOVA [322]	300	0,322	0,615	0,063
Paris	NGUYEN VAN CONG et al. [255]	487	0,321	0,675	0,040
Polen	WYSLOUCHOVA [430]	1 064	0,319	0,585	0,057
Mittelitalien	SCOZZARI et al. [346]	383	0,196	0,745	0,059

2. Phosphoglucomutase(PGM)-System

Das für den Kohlenhydrat-Stoffwechsel bedeutende Enzym Phosphoglucomutase (PGM) zeigt nach SPENCER, HOPKINSON und HARRIS [371] (1964) einen genetisch gesteuerten Polymorphismus. In forensischer Hinsicht sind drei Phänotypen von Bedeutung: PGM_1 1-1, PGM_1 2-1 und PGM_1 2-2. Sie werden von zwei kodominant vererbbaren Genen PGM_1^1 und PGM_1^2 gesteuert. Später beschriebene weitere Typen kommen in unserer Population in äußerst geringer Zahl vor.

In Paternitäts-Gutachten beträgt die Ausschlußchance des PGM_1-Systems 16 % (SPEISER [364]), wodurch dieses System zu einer weiteren Erhöhung der Aussagesicherheit bei Abstammungs-Untersuchungen sowohl im Ausschluß-Fall als auch für den positiven Vaterschafts-Hinweis beiträgt.

Die von den Gen-Orten PGM_2 und PGM_3 gesteuerten Merkmale sind in diese Studie nicht mit einbezogen: Die des PGM_2-Locus sind nur bei Negriden polymorph (PROKOP und GÖHLER[271], siehe dort weitere Literatur) daher erübrigt sich hier ihre Betrachtung. Die Phänotypen des PGM_3-Systems würden sich zwar aufgrund ihrer Verteilung für die Vaterschafts-Begutachtung ebenso gut eignen wie die des PGM_1-Systems, sie sind jedoch nur mit Hilfe der Hochspannungs-Elektrophorese auftrennbar, was die Routine-Untersuchung erschwert. - Beide Systeme sind noch nicht in HUMMELs Tabellenwerk enthalten.

Tabelle 63 zeigt die Phänotypen-Verteilung innerhalb Deutschlands anhand von 30 Populations-Stichproben und über 30 000 Probanden. Bei $\text{Chi-Quadrat}_{(58)} = 89{,}787$ (kritischer Wert für $p = 0{,}05$: $\text{Chi-Quadrat}_{(58)} = 76{,}778$)

Tab. 63 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im PGM_1-System in Prozent

Population	Autoren	N	PGM_1 1-1		PGM_1 2-1		PGM_1 2-2	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Berlin	KRAULAND [205]	302	54,6	1,210	39,4	1,607	6,0	0,182
Unterfranken	HAUG et al. [128]	1 000	55,95	2,082	37,7	1,956	6,35	1,536
Gießen	BHASIN und FUHRMANN [34]	197	55,33	0,580	39,08	0,900	5,58	0,014
Freiburg	WILLE et al. [427]	229	58,07	0,080	34,06	0,067	7,86	2,593
Dortmund	ADAMEK et al. [2]	837	57,7	0,463	35,0	0,001	7,3	5,594
Freiburg	KNEIPHOF und NAGEL [198]	1 637	56,7	2,204	37,2	2,103	6,1	1,569
Südwest-deutschland	WILLE et al. [428]	732	57,24	0,639	36,88	0,679	5,87	0,319
Süddeutsch-land	BERG et al. [29]	4 129	57,68	2,325	36,53	2,449	5,78	1,250
Köln	SCHAAL et al. [324]	1 045	57,76	0,520	36,48	0,566	5,76	0,240
Leipzig	DU CHESNE et al. [73]	2 031	57,91	0,893	36,37	0,988	5,71	0,391
Gießen	ADAMEK et al. [2]	341	57,18	0,312	38,12	0,900	4,69	0,308
Rotenburg/ Wümme	ADAMEK et al. [2]	436	58,72	0,047	35,55	0,027	5,73	0,096
Ostberlin	RADAM und STRAUCH [279]	611	59,41	0,001	35,33	0,012	5,25	0,026
Berlin	FIEDLER und PETTENKOFER [83]	859	59,44	0,006	35,31	0,018	5,24	0,010
Deutschland	HUMMEL et al. [172]	970	59,6	0,001	35,2	0,009	5,2	0,100
Freiburg	HUMMEL et al. [173]	787	60,48	0,123	33,42	0,620	6,1	0,734
Lübeck	SETH und BERNDT [353]	224	58,03	0,083	38,39	0,700	3,57	1,372

Fortsetzung Tab. 63

Marburg/ Tübingen	WENDT et al. [411]	2 354	59,94	0,070	34,92	0,017	5,14	0,272
Rheinland-Pfalz / Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	2 024	59,88	0,045	35,08	0,000	5,04	0,462
Rotenburg	KNEIPHOF und NAGEL [198]	210	60,95	0,072	34,33	0,183	5,72	0,041
Bonn	RITTNER et al. [310]	492	60,16	0,034	35,16	0,001	4,67	0,467
Marburg	eigene Befunde	910	61,76	0,767	32,53	1,690	5,71	0,178
Hamburg	BRINKMANN [43]	722	60,84	0,200	34,32	0,110	4,84	0,395
Norddeutschland	BRINKMANN et al. [44]	4 403	61,43	2,714	33,70	2,376	4,86	2,292
Fulda	SCHWARZ [340]	753	61,48	0,490	34,53	0,065	3,98	2,758
Berlin	FIEDLER und PETTENKOFER [83]	860	62,1	0,957	33,4	0,714	4,5	1,167
Hamburg	GOEDDE et al. [99]	770	62,72	1,674	31,95	2,153	5,32	0,000
Frankfurt/M.	RENNINGER und SPIELMANN [292]	515	62,33	0,684	33,59	0,324	4,07	1,645
Frankfurt/M.	RENNINGER [289]	422	63,36	0,998	32,47	0,823	4,16	0,988
Mainz	ARNDT-HANSER [8]	392	70,41	7,807	24,49	12,533	5,10	0,060
	Summe	31 194		28,081		34,591		27,115
	Frequenz - Mittelwerte		59,52		35,08		5,39	
	Frequenzen nach HUMMEL		59,6		35,2		5,2	
	Chi-Quadrat$_{(58)}$ =	89,787	→	$p < 0,05$				

Tab. 64 Hessische Phänotypen-Frequenzen im PGM_1-System in Prozent

Population	Autoren	N	PGM_1 1-1		PGM_1 2-1		PGM_1 2-2	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Gießen	BHASIN und FUHRMANN [34]	197	55,33	1,069	39,08	1,381	5,58	0,319
Gießen	ADAMEK et al. [2]	341	57,18	0,853	38,12	1,543	4,69	0,000
Marburg	eigene Befunde	910	61,76	0,066	32,53	0,736	5,71	1,949
Fulda	SCHWARZ [340]	753	61,48	0,019	34,53	0,025	3,98	0,842
Frankfurt/M.	RENNINGER und SPIELMANN [292]	515	62,33	0,130	33,59	0,054	4,07	0,437
Frankfurt/M.	RENNINGER [289]	422	63,36	0,328	32,47	0,368	4,16	0,177
Summe		3 138		2,465		4,107		3,724
Frequenz-Mittelwerte			61,09		34,19		4,71	
Frequenzen nach HUMMEL			59,6		35,2		5,2	

$Chi\text{-}Quadrat_{(10)}$ = 10,296 → 0,50 > p > 0,40

ergibt sich $0{,}010 > p > 0{,}005$. Dies bedeutet schwache Heterogenität der Verteilung. Die Abweichungen von HUMMELs Frequenzen betragen nur bis zu 4 %, wenn man den Extremwert der Mainzer Stichprobe (ARNDT-HANSER [8]) nicht berücksichtigt.

Aus Tabelle 64 erkennt man die Frequenz-Verteilung der drei Phänotypen innerhalb der Region Hessen. Bei $\text{Chi-Quadrat}_{(10)} = 10{,}296$ ergibt sich $0{,}50 > p > 0{,}40$ und damit Verteilungs-Homogenität.

In Tabelle 65 sind die Frequenzen nach HUMMEL den hessischen Mittelwerten gegenübergestellt. Es ergeben sich nur geringe Abweichungen (Angaben in Prozent).

Tab. 65

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Hessen	Differenz
PGM_1 1-1	59,60	61,09	+ 1,49
PGM_1 2-1	35,20	34,19	- 1,01
PGM_1 2-2	5,20	4,71	- 0,49

Das von BRINKMANN [43] vermutete Süd-Nord-Gefälle für PGM_1^2 kann anhand von Tabelle 63 nicht bestätigt werden. Die in Tabelle 66 zusammengestellten Gen-Frequenzen aus Stichproben angrenzender europäischer Gebiete lassen ebenfalls noch keinen Schluß auf ein genetisches Gefälle zu.

Tab. 66 Europäische Gen-Frequenzen im PGM_1-System

Population	Autoren	N	PGM_1^1	PGM_1^2
Bern	BÜTLER [55]	300	0,8185	0,1815
Dänemark	LAMM [212]	475	0,8084	0,1916
Dänemark	LAMM [214]	1 666	0,8052	0,1942
Wien	HERBICH und KAHLICH [150]	157	0,7962	0,2038
Kopenhagen	SØRENSEN [361]	309	0,7930	0,2070
Wien	HERBICH und PESENDORFER [151]	220	0,7910	0,2090
Schweden	HANSSON [121]	180	0,7810	0,2190
Prag	HERZOG und DRDOVA [155]	320	0,7800	0,2200
Norwegen	MONN [246]	2 670	0,7760	0,2240
Frankreich	SEGER [348]	457	0,7363	0,2637
Italien	SCOZZARI et al. [346]	385	0,7030	0,2970
Polen	TUROWSKA [390]	425	0,7150	0,2850

3. Adenylatkinase(AK)-System

1966 wurde von FILDES und HARRIS [84] auch im Adenylatkinase-System ein genetisch gesteuerter Polymorphismus gefunden. Dieses Enzym, das beim Energie-Stoffwechsel der Zelle (ATP-Regeneration) eine wichtige Rolle spielt, läßt sich außer in Erythrozyten in zahlreichen weiteren Geweben finden. Zunächst wurden zwei kodominant vererbbare Gene AK^1 uns AK^2 postuliert, die sich zu den Phänotypen AK 1-1, AK 2-1 und AK 2-2 kombinieren, wobei der letzte Typ bei Europiden sehr selten beobachtet wird (unter 1 %). - Später entdeckte weitere Gene (AK^3, AK^4) sind in forensischer Hinsicht wegen ihrer Seltenheit nicht relevant.

In Vaterschafts-Gutachten beträgt die isolierte Ausschlußchance in diesem System 3 % (SPEISER [364]).

Besondere Bedeutung hat die in den letzten Jahren von einigen Autoren vermutete (WENDT et al. [410]) und inzwischen bestätigte (GRZESCHICK [110]) Koppelung mit dem ABO-System. Damit ist auch hier die in der Einleitung postulierte Unabhängigkeit der Vererbung nicht mehr gegeben und macht eine Änderung im HUMMELschen Tabellenwerk erforderlich.

Im AK-System läßt sich anhand von 18 Populations-Stichproben und 18 710 Probanden Verteilungs-Homogenität innerhalb Deutschlands feststellen ($Chi\text{-}Quadrat_{(34)} = 44{,}521$ und $0{,}20 > p > 0{,}10$) (Tabelle 67).

Der Vergleich eines gesamtdeutschen Frequenz-Mittelwertes mit den den ESSEN-MÖLLER-Werten zugrunde gelegten Frequenzen nach HUMMEL zeigt recht gute Übereinstimmung (Tabelle 68, Angaben in Prozent).

Tab. 67 Deutsche Gen-Frequenzen im AK-System
(einschließlich der D^2/E-Werte der Phänotypen-Frequenzen)

Population	Autoren		N	AK^1	AK^2	AK 1-1 D^2/E	AK 2-1 D^2/E	AK 2-2 D^2/E
Marburg	eigene Befunde		501	0,9695	0,0305	0,149	1,611	0,481
Freiburg	WILLE und RITTER [425]		407	0,969	0,031	0,100	1,058	0,390
Göppingen	SONNEBORN und RENNINGER [360]		442	0,968	0,032	0,083	1,230	0,781
Hamburg	BRINKMANN et al. [44]	2	370	0,9662	0,0338	0,269	3,473	0,231
Freiburg	WILLE und RITTER [426]		440	0,9653	0,0347	0,033	0,539	0,794
Freiburg	HUMMEL et al. [173]		970	0,965	0,035	0,058	0,532	0,930
Südwestdeutschland	HUMMEL et al. [172]		787	0,9648	0,0352	0,053	0,698	0,083
Schleswig-Holstein	WALDVOGEL et al. [395]		450	0,9634	0,0366	0,028	0,260	0,430
Berlin	RADAM und STRAUCH [278]	2	002	0,9626	0,0358	0,055	0,554	0,442
Marburg/Tübingen	WENDT et al. [410]	2	810	0,9617	0,0383	0,003	0,047	0,033
Gießen	BHASIN und FUHRMANN [34]		205	0,961	0,039	0,002	0,141	3,255
Rheinland-Pfalz Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]	1	121	0,958	0,042	0,037	0,338	0,797
München	BERG et al. [27]	3	272	0,958	0,042	0,185	2,325	0,006

Fortsetzung Tab. 67

Hamburg	GOEDDE et al. [99]	1 090	0,955	0,045	0,158	1,670	6,848
Köln	HELLENBROICH und PULVERER [141]	1 000	0,954	0,046	0,261	3,582	0,960
Rotenburg	ADAMEK et al. [2]	399	0,9499	0,0501	0,244	3,250	0,380
Lübeck	SETH und BERNDT [353]	224	0,9488	0,0512	0,114	1,522	0,220
Gießen	ADAMEK et al. [2]	220	0,9477	0,0523	0,187	2,401	0,210
Summe		18 710			2,019	25,231	17,271
Frequenz-Mittelwerte der Phänotypen					92,35	7,55	0,10
Frequenzen nach HUMMEL					93,1	6,8	0,1

$\text{Chi-Quadrat}_{(34)} = 44{,}521 \rightarrow 0{,}20 > p > 0{,}10$

Tab. 68

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Deutschland	Differenz
AK 1-1	93,10	92,35	- 0,75
AK 2-1	6,80	7,55	+ 0,75
AK 2-2	0,10	0,10	-.-

Aufgrund des noch relativ geringen Zahlenmaterials aus populationsgenetischen Untersuchungen lassen sich noch keine sicheren Aussagen über ein Driftverhalten der Gene machen. Nach Feststellung der Verteilungs-Homogenität der Phänotypen in den deutschen Gebieten ist es unwahrscheinlich. - Der Vollständigkeit halber werden dennoch in Tabelle 69 die wesentlichsten Populations-Stichproben des angrenzenden Auslandes zusammengestellt.

Tab. 69 Europäische Gen-Frequenzen im AK-System

Population	Autoren	N	AK^1	AK^2
Italien	SCOZZARI et al. [346]	385	0,974	0,026
Kopenhagen	SØRENSEN [361]	821	0,970	0,030
Wien	MAYR und PAUSCH [240]	407	0,9656	0,0344
Schweden	SKUDE und JAKOBSSON [358]	505	0,9653	0,0347
Dänemark	LAMM [216]	239	0,964	0,036
Frankreich	SEGER [348]	723	0,9633	0,0367
Italien	MODIANO et al. [245]	841	0,9625	0,0374
Schweiz	PFLUGSHAUPT et al. [264]2	269	0,9575	0,0425
Oslo	BERG [26]	377	0,9562	0,0438
Polen	TUROWSKA [390]	256	0,962	0,038

4. Adenosindesaminase(ADA)-System

Die Adenosindesaminase spielt eine wichtige Rolle im Kernsäure-Stoffwechsel (Abbau der Purinbasen). Sie läßt sich - ebenso wie die Phosphoglucomutase und die Adenylatkinase - auch in anderen Körpergeweben nachweisen. 1968 beschrieben SPENCER, HOPKINSON und HARRIS [372] für dieses System einen erblich gesteuerten Polymorphismus. Zunächst fand man die drei Phänotypen

ADA 1-1, ADA 2-1 und ADA 2-2 (Gene: ADA^1 und ADA^2).

Auch hier wurden in den Folgejahren weitere seltene Typen beschrieben, die in Vaterschafts-Gutachten wegen ihrer Seltenheit kaum Bedeutung erlangen.

Die isolierte Ausschlußchance beträgt hier 3 % (SPEISER [364]).

Auch in diesem System wurde in Deutschland eine homogene Verteilung der Phänotypen-Frequenzen beobachtet. Es konnten 20 Populations-Stichproben zusammengestellt werden. Bei $Chi\text{-}Quadrat_{(38)} = 40{,}700$ ist $0{,}40 > p > 0{,}30$ (Tabelle 70).

Tabelle 71 zeigt den Vergleich der Frequenzen nach HUMMEL mit den gesamtdeutschen Mittelwerten. Die Abweichungen sind relativ gering (Angaben in Prozent).

Tab. 71

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwert Deutschland	Differenz
ADA 1-1	87,20	89,0	+ 1,80
ADA 2-1	12,40	10,76	- 1,64
ADA 2-2	0,40	0,23	- 0,17

Tab. 70 Deutsche Gen-Frequenzen im ADA-System
(einschließlich der D^2/E-Werte der Phänotypen-Frequenzen)

Population	Autoren		N	ADA^1	ADA^2	ADA 1-1 D^2/E	ADA 2-1 D^2/E	ADA 2-2 D^2/E
Gießen	BHASIN und FUHRMANN [34]		204	0,961	0,039	0,304	2,873	0,599
Norddeutschland	SETH und BERNDT [353]		212	0,958	0,042	0,212	2,017	0,547
Rheinland-Pfalz/ Saar	ARNDT-HANSER und WALTER [10]		495	0,956	0,044	0,298	2,393	0,017
München	BERG et al. [28]	1	514	0,955	0,045	0,738	4,777	3,480
Hessen	RENNINGER und BIMBOESE [291]		579	0,950	0,050	0,087	0,640	0,083
Südhessen	BIMBOESE [35]		417	0,9496	0,0504	0,064	0,526	0,002
München	BERG et al. [28]	3	272	0,946	0,054	0,057	0,413	0,036
Schleswig-Holstein	HEIDE und PETERSEN [132]	2	261	0,945	0,055	0,001	0,000	0,277
Hamburg	BRINKMANN et al. [44]	1	070	0,945	0,055	0,014	0,085	0,086
Nordhessen	BIMBOESE [35]		309	0,9434	0,0566	0,000	0,093	0,710
Berlin	RADAM und STRAUCH [280]	1	067	0,9433	0,0567	0,003	0,041	0,084
Berlin	LEFEVRE und NIEBUHR [221]		500	0,942	0,058	0,002	0,027	0,019
Marburg/Tübingen	RITTER et al. [308]	2	730	0,9402	0,0598	0,115	0,898	0,083
Stuttgart	SONNEBORN und RENNINGER [360]		435	0,938	0,062	0,044	0,217	1,000

Fortsetzung Tab. 70

Köln	HELLENBROICH und PULVERER [140]	1 000	0,938	0,062	0,112	0,818	0,213
Hamburg	GEODDE et al. [99]	861	0,935	0,065	0,230	0,1641	0,525
Marburg	eigene Befunde	499	0,9338	0,062	0,187	0,1278	0,637
Schleswig-Holstein	WALDVOGEL et al. [395]	354	0,9336	0,0664	0,116	0,635	1,736
Tübingen	TARIVERDIAN und RITTER [382]	312	0,925	0,075	0,411	3,295	0,118
Tübingen	TARIVERDIAN und RITTER [381]	302	0,9225	0,0775	0,516	4,136	0,135
Summe		18 393			3,511	26,802	10,387
Frequenz-Mittelwerte der Phänotypen					89,0	10,76	0,23
Frequenzen nach HUMMEL					87,2	12,4	0,4

$\text{Chi-Quadrat}_{(38)} = 40{,}700 \rightarrow 0{,}40 > p > 0{,}30$

Die Verteilungs-Homogenität innerhalb Deutschlands sowie auch der Vergleich einiger außerdeutscher europäischer Populationen (Tabelle 72) lassen darauf schließen, daß es in diesem System innerhalb der europäischen Bevölkerung kein genetisches Gefälle gibt.

Tab. 72 Europäische Gen-Frequenzen im ADA-System

Population	Autoren	N	ADA^1	ADA^2
Kopenhagen	SØRENSEN [301]	624	0,944	0,056
Schweiz	PFLUGSHAUPT et al. [293]	604	0,940	0,060
Dänemark	DISSING und KNUDSEN [70]	321	0,9391	0,0609
Wien	WÜST [429]	250	0,938	0,062
Dänemark	LAMM [215]	247	0,933	0,067
Rom	SCOZZARI [345] et al.	320	0,911	0,089
Polen	TUROWSKA [390]	609	0,940	0,060

2. Glutamat-Pyruvat-Transaminase (GPT)-System [x]

Die Glutamat-Pyruvat-Transaminase zählt zu den wichtigsten Enzymen des Aminosäure-Stoffwechsels und ist demzufolge auch in praktisch allen Körpergeweben nachweisbar. 1971 fanden OMEN und GIBLETT [1] einen erblich determinierten Polymorphismus in diesem System. Es wurden zunächst die drei Phänotypen GPT 1-1, GPT 2-1 und GPT 2-2 beschrieben, die auf die codominante Vererbung der beiden Gene GPT^1 und GPT^2 zurückgeführt werden können. Mittlerweile sind weitere seltene Phänotypen beschrieben worden (Kombination der Gene GPT^1 bis GPT^5). Für Populations-Untersuchungen sind bisher nur die drei ersten Phänotypen von Bedeutung, deren Frequenz-Verteilung zu einer Heterozygoten-Häufigkeit von ca. 12 % führt (BRUCE [2]).

Eine Überprüfung der Frequenz-Verteilung der Phänotypen in beiliegender Tafel 19 ergibt bei 19 deutschen Population-Untersuchungen ein Chi-Quadrat von $\chi^2 = 21{,}3$ und damit $0{,}50 > p > 0{,}40$. Die Verteilung ist also in diesem gesamten Bereich als homogen anzusehen. Dieser Befund auch die Überprüfung eines genetischen Gleichgewichtes bestätigen.

Wie aus Tabelle 19 ergibt sind die Abweichungen des deutschen Frequenz-Mittelwertes zu anderen Frequenzen recht gering.

---

[x] Das GPT-System ist bisher nicht in anderen Tabellen-werken aufgenommen aber als Ergänzung dazu erwünscht [3].

Tab. 73 Deutsche Phänotypen-Frequenzen im GPT-System in Prozent

Population	Autoren	N	GPT 1-1		GPT1-2		GPT 2-2		GPT 1-3		GPT 2-3		GPT 3-3	
			%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E	%	D^2/E
Köln	HELLENBROICH et al. [142]	317	32,75	3,550	44,08	1,802	23,17	0,003	0,0	0,507	0,0	0,697	0,0	0,0
Tübingen	KÖMPF [201]	304	28,29	0,113	50,66	0,087	21,05	0,439	0,0	0,486	0,0	0,669	0,0	0,0
Hamburg	BRINKMANN et al. [45]	2 023	28,17	0,595	49,87	0,068	21,96	0,752	0,0	3,237	0,0	4,451	0,0	0,0
Nord-bayern	WIEBECKE und BRACKEBUSCH [418]	2 000	27,95	0,329	50,3	0,278	21,35	2,020	0,05	1,512	0,35	1,536	0,0	0,0
Mainz	ARNDT-HANSER [9]	1 543	27,69	0,087	49,65	0,009	22,26	0,224	0,21	0,114	0,19	0,046	0,0	0,0
Hessen	SPIELMANN et al. [374]	4 208	27,57	0,127	49,07	0,134	22,67	0,073	0,36	10,156	0,33	2,429	0,0	0,0
Leipzig	Du CHESNE et al. [73]	945	27,14	0,013	49,91	0,043	22,94	0,003	0,0	1,512	0,0	2,079	0,0	0,0
Marburg	eigene Befunde	222	26,58	0,040	48,65	0,030	24,77	0,352	0,0	0,355	0,0	0,488	0,0	0,0
München	GUSSMANN und RAMES [114]	289	26,21	0,102	49,97	0,007	23,81	0,128	0,0	0,462	0,0	0,636	0,0	0,0
Berlin	MARTIN und NIEBUHR [238]	553	26,41	0,156	49,19	0,009	23,68	0,162	0,36	1,413	0,36	0,503	0,0	0,0
Schlesw.-Holstein	ANGER et al. [7]	1 444	26,45	0,361	48,78	0,288	24,37	1,434	0,28	1,236	0,41	2,514	0,0	0,0

Fortsetzung Tab.73

München	GUSSMANN und SCHWARZFISCHER[115]	837	26,4	0,236	47,79	0,477	25,09	1,803	0,24	0,326	0,48	2,532	0,0	0,0
Lübeck	SETH[352]	374	25,67	0,356	52,41	0,652	21,92	0,146	0,0	0,598	0,0	0,822	0,0	0,0
Norddeutschland	BENKMANN et al.[25]	1 017	25,00	1,980	51,4	0,786	23,6	0,236	0,0	1,627	0,0	2,237	0,0	0,0
Berlin	RADAM und STRAUCH[281]	312	23,72	1,451	48,72	0,036	27,56	3,006	0,0	0,499	0,0	0,686	0,0	0,0
Summe		60 388		9,496		4,706		10,781		24,040		22,325		
Frequenz-Mittelwerte			27,28		49,47		22,87		0,16		0,22			
Frequenzen nach HUMMEL			25,41		49,67		24,23		0,35		0,34		—	

Chi-Quadrat$_{(70)}$ = 71,348 → $0,50 > p > 0,40$

Tab. 74

	Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk	Frequenz-Mittelwerte Deutschland	Differenz
GPT 1-1	25,41	27,28	+ 1,87
GPT 1-2	49,62	49,47	- 0,15
GPT 2-2	24,23	22,87	- 1,36
GPT 1-3	0,35	0,16	- 0,19
GPT 2-3	0,34	0,22	- 0,12
GPT 3-3	0,00	0,00	0,00

Aus Tabelle 75, die eine Zusammenstellung der Frequenz-Verteilungen einiger außerdeutscher Populationen in Europa enthält, läßt sich wegen des geringen Zahlenmaterials keine sichere Aussage über ein genetisches Driftverhalten machen; zusammen mit dem Ergebnis der Tabelle 73 läßt sich jedoch auch innerhalb Europas eine homogene Frequenz-Verteilung vermuten.

Tab. 75 Europäische Gen-Frequenzen im GPT-System

Population	Autoren	N	GPT^1	GPT^2	GPT^3
Italien	BRINKMANN et al.[47]	205	0,551	0,449	-
Norwegen	OLAISEN und TEISBERG [258]	400	0,55	0,45	-
Norwegen	OLAISEN [257]	4 148	0,537	0,461	0,002
Schweiz	PFLUGSHAUPT et al. [265]	1 894	0,510	0,488	0,002
Ferrara	SCOZZARI [347] et al.	294	0,500	0,4966	0,0034
Bologne	BENERECETTI et al. [23]	247	0,5222	0,4737	0,0041

IV. Mathematische Auswertung der Ergebnisse

Es wurden insgesamt 17 Blutmerkmal-Systeme untersucht. In 5 Systemen konnte innerhalb Deutschlands nach der Chi-Quadrat-Methode Verteilungs-Homogenität der Phänotypen-Frequenzen festgestellt werden (Tabelle 77); in der Region Hessen traf dies für 11 Systeme zu (Tabelle 78). - Für diese Systeme ist die Festsetzung eines Frequenz-Mittelwertes für die jeweilige Gesamtheit statistisch gerechtfertigt, da - bei Verteilungs-Homogenität - Frequenz-Abweichungen zufallsbedingt sind. Daraus folgt für die Anwendbarkeit der ESSEN-MÖLLER-Werte, daß ein Vergleich dieses Mittelwertes mit den den ESSEN-MÖLLER-Wert-Berechnungen zugrunde gelegten Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk angebracht ist.

In Tabelle 77 sind die deutschen und in Tabelle 78 die hessischen Frequenz-Mittelwerte der Phänotypen zusammengestellt. Die daraus errechneten mittleren Gen-Frequenzen wurden mit den entsprechenden aus HUMMELs Tabellenwerk verglichen und die Differenzen in Relativprozent angegeben (Spalte 6 und 7 der Tabellen 77 und 78). - Es ergeben sich sowohl bezüglich der Region Hessen als auch des gesamten deutschen Gebietes - von wenigen Ausnahmen abgesehen - nur geringe Abweichungen zu HUMMELs Frequenzen.

In 12 Merkmal-Systemen wurde - statistisch zum Teil hochsignifikante - Verteilungs-Heterogenität in Deutschland und für 3 Systeme auch in Hessen nachgewiesen (Tabelle 79). Einige dieser verteilungs-heterogenen Systeme konnten wegen des nur in geringer Anzahl zur Verfügung stehenden Stichproben-Materials für die Region Hessen

allein nicht untersucht werden. Teilweise ergab sich hier die Möglichkeit, zumindest die Frequenzen aus dem Marburger Raum anhand der eigenen Befunde - gelegentlich auch weiterer aus der Literatur - mit HUMMELs Frequenzen zu vergleichen.

Als e i n e mögliche Ursache für diese heterogene Frequenz-Verteilung konnte in wenigen Systemen (ABO, Gm und Inv) ein genetisches Gefälle gefunden und Übereinstimmung mit Daten aus der Literatur festgestellt werden. - In den meisten Fällen kann jedoch keine befriedigende Erklärung für die stark heterogene Frequenz-Verteilung gegeben werden. - In solchen heterogenen Systemen, in denen der Chi-Quadrat-Wert nahe der Signifikanzgrenze liegt (ABO in Hessen, P in Hessen, Tf in Deutschland, acP in Hessen) findet sich fast immer ein geringes Stichproben-Material. Daher muß an die Möglichkeit gedacht werden, daß sich hier doch noch Verteilungs-Homogenität der Frequenzen nachweisen läßt, sobald mehr Stichproben bzw. größere Gesamt-Probandenzahlen vorliegen.

In Kapitel III. wurde die Frage nach - evtl. regional unterschiedlichen - Abweichungen zu den HUMMELs Tabellenwerk zugrunde liegenden Frequenzen gestellt sowie nach ihrer möglichen Auswirkung auf die ESSEN-MÖLLER-Werte des Tabellenwerkes. Oben konnte gezeigt werden, daß Änderungen des ESSEN-MÖLLER-Wertes von 0,1 und mehr unter Umständen deutliche Auswirkungen auf die Einstufung in eine bestimmte Wahrscheinlichkeits-Kategorie im Rahmen eines Paternitäts-Gutachtens haben können. Um eine zahlenmäßig faßbare Beziehung von Gen-Frequenz-Differenzen zum ESSEN-MÖLLER-Wert zu erhalten, wurden Graphiken erstellt, denen die nachfolgenden Berechnungen zugrunde liegen.

Tab. 77 Merkmal-Systeme mit homogener Frequenz-Verteilung in Deutschland - Abweichungen der Gen-Frequenz-Mittelwerte von den Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk -

1 System	2 Fund-stelle	3 Frequenz-Mittel werte der Phäno-typen	4 Gen-Frequenzen - berechnet aus den Mittelwerten der Phänotypen-Frequ.	5 Gen-Frequenzen nach HUMMEL (Lit.[171,172])	6 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 und 5	7 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 und 5; Angaben in Relativ-prozent (bezogen auf HUMMELs Frequenzen)
1. Fy(a)	Tab. 20	Fy(a): 67,10 Fy(-a): 32,90	Fy^a: 0,4264 $Fy^{non\ a}$: 0,5736	0,4143 0,5857	+ 0,0121 - 0,0121	2,9 2,1
Fy(a,b)	Tab.21	Fy(a+b-): 17,76 Fy(a+b+): 48,93 Fy(a-b+): 33,31	Fy_b^a: 0,4229 $Fy^{\ }$: 0,5771	s.o.	+ 0,0086 - 0,0086	2,1 1,5
2. Kidd	Tab.25	Jk(a) : 75,93 Jk(-a): 24,07	Jk^a: 0,5094 $Jk^{non\ a}$: 0,4906	0,5142 0,4858	- 0,0048 + 0,0048	0,9 1,0
		Jk(a+b-): 24,03 Jk(a+b+): 51,78 Jk(a-b+): 24,18	Jk_b^a : 0,5083 $Jk^{\ }$: 0,4917	s.o.	- 0,0059 + 0,0059	1,1 1,2
3. AK	Tab.67	AK 1-1: 92,352 AK 2-1: 7,552 AK 2-2: 0,096	AK_2^1 : 0,9613 AK^2 : 0,0387	0,9648 0,0352	- 0,0035 + 0,0035	0,4 10
4. ADA	Tab.70	ADA 1-1: 89,0 ADA 2-1: 1o,76 ADA 2-2: 0,23	ADA_2^1: 0,9439 ADA^2: 0,0561	0,934 0,066	+ 0,0099 - 0,0099	1,1 15
5. GPT	Tab.73	GPT 1-1: 27,28 GPT 2-1: 49,47 GPT 2-2: 22,87 GPT 1-3: 0,16 GPT 2-3: 0,22 GPT 3-3: 0,00	GPT_2^1: 0,52093 GPT_3^2: 0,47715 GPT^3: 0,00192	0,50410 0,49220 0,00350	- 0,01683 + 0,01505 + 0,00158	3,34 3,06 45,14

Tab. 78 Merkmal-Systeme mit homogener Frequenz-Verteilung in Hessen - Abweichungen der Gen-Frequenz-Mittelwerte von den Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk -

1 System	2 Fund-stelle	3 Frequenz-Mittel-werte der Phäno-typen	4 Gen-Frequenzen - berechnet aus den Mittelwerten der Phänotypen-Frequ.	5 Gen-Frequenzen nach HUMMEL (Lit. 171,172)	6 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 und5	7 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 und 5; Angaben in Relativpro-zent (bezogen auf HUMMELs Frequenzen
1. ABO	Tab.4	O: 37,51 A_1: 36,42 A_2: 7,34 B: 13,03 A_1B: 4,6 A_2B: 1,09	A_1: 0,2337 A_2: 0,0554 B: 0,0985 O: 0,6124	0,2274 0,0580 0,0789 0,6357	+ 0,0063 - 0,0026 + 0,019 - 0,023	2,8 (A_1) 4,5 (A_1) 24,8 (B^2) 3,7 (O)
2, MN	Tab. 9	MM: 28,73 MN: 51,54 NN: 19,72	M: 0,5450 N: 0,4550	0,5531 0,4469	- 0,0081 + 0,0081	1,46 1,8
3. Kell	Tab.13	K+: 10,35 K-: 89,65	K: 0,0532 nonK: 0,9468	0,0393 0,9607	+ 0,0139 - 0,0139	35,37 1,45
4. P	Tab. 17	P : 79,16 P-: 20,84	P: 0,5435 non P:0,4565	0,5546 0,4454	+ 0,0111 - 0,0111	2 2,5
5, Hp	Tab.34	Hp 1-1: 17,27 Hp 2-1: 49,21 Hp 2-2: 33,52	Hp_2^1: 0,4186 Hp^1: 0,5814	0,3765 0,6235	+ 0,042 - 0,042	11,2 6,8
6. Gc	Tab. 38	Gc 1-1: 52,93 Gc 2-1: 39,5 Gc 2-2: 7,57	Gc_2^1: 0,7268 Gc^1: 0,2732	0,7175 0,2825	+ 0,0093 - 0,0093	1,3 3,3

Fortsetzung Tab. 78

7. Gm Tab. 47	Gm(1,-2) : 32,16 Gm(1,2) : 18,76 Gm(-1,-2): 49,08	$Gm^1_{1;2}$	0,20076 0,09867 0,70057	0,2031 0,0970 0,6990	- 0,0023 + 0,0007 + 0,0016	1,1 0,8 0,2
8. Inv Tab. 54	Inv(1): 14,24 Inv(-1): 85,76	$Inv^1_{non\ 1}$:	0,0739 0,9261	0,0652 0,9348	+ 0,0087 - 0,0087	13,3 0,9
9. acP Tab.60	acP AA: 12,79 acP AB: 42,45 acP BB: 33,19 acP AC: 4,08 acP BC: 7,39 acP CC: 0,10	acP^a : acP^b : acP^c :	0,3606 0,5810 0,0584	0,3292 0,6061 0,0647	+ 0,031 - 0,025 + 0,0063	9,5 4,12 9,73
10. PGM_1 Tab.64	PGM_1 1-1: 61,09 PGM_1 2-1: 34,19 PGM_1 2-2 4,71	PGM^1_1: PGM^2_1:	0,783 0,217	0,772 0,228	+ 0,011 - 0,011	1,4 4,8
11. Rh Tab. 30 / 31	siehe entsprechendes Kapitel S. 48					

Tab. 79 Merkmal-Systeme mit heterogener Frequenz-Verteilung in Deutschland - Abweichungen der Gen-Frequenzen einiger Extremwerte von den Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk -

1 System	2 Fund-stelle	3 Populations-Stichproben mit Maximalabweichungen (Angaben in Prozent)	4 Gen-Frequenzen der Stichproben aus Spalte 3	5 Gen-Frequenzen nach HUMMEL (Lit. 171,172)	6 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 u.5	7 Differenz der Gen-Frequenzen aus Spalte 4 u. 5, Angaben in Relativprozent
1.						
ABO	Tab. 1/2	Leipzig, SUCKER (N = 1 000)	A: 0,28586	A_1: 0,2274	- 0,0005	
		O: 34,5 B: 16,5 A: 41,5 AB: 7,5	B: 0,12677	A_2: 0,0580		1,8 (A)
			O: 0,58737	B: 0,0789	+ 0,0478	60,5 (B)
				O: 0,6357	- 0,0483	7,6 (O)
		Hessen, WENDT (N = 667)				
		A_1: 35,23 B: 16,19	A_1: 0,2052		- 0,0222	9,8 (A_1)
		A_2: 7,2 A_1B: 3,3	A_2: 0,0652	s. o.	+ 0,0072	12,4 (A_2)
		O : 37,03 A_2B: 1,05	B : 0,1211		+ 0,0422	53,5 (B)
			O : 0,6085		- 0,0272	4,3 (O)
	Tab. 2	Rheinl.-Pfalz, WALTER (N = 891)				
		A_1: 42,08 B : 8,8	A_1: 0,283	s. o.	+ 0,0563	24,7 (A_1)
		A_2: 7,5 A_1B: 3,1	A_2: 0,0366		- 0,0214	36,9 (A_2)
		O : 37,4 A_2B: 0,4	B : 0,068		- 0,0108	13,6 (B)
			O : 0,6116		- 0,024	3,8 (O)

Fortsetzung Tab. 79

1	2	3	4	5	6	7
2. MN	Tab. 7	Würzburg, BINHOLD (N = 533)				
		MM: 35,6	M: 0,5670	M: 0,5531	+ 0,0139	2,5
		MN: 42,2	N: 0,4330	N: 0,4469	- 0,0139	3,1
		NN: 22,2				
3. Kell	Tab. 12	Würzburg, ELTEN, (N = 772)				
		K: 15,42	K : 0,08033	K : 0,03927	+ 0,0410	100,4
		K-: 84,58	non K: 0,91967	non K: 0,96073	- 0,0410	4,3
4. P	Tab. 16	Köln, DAHR (N = 6 478)				
		P: 73,62	P : 0,5136	P : 0,5546	- 0,041	7,4
		P-: 26,38	non P: 0,4864	non P: 0,4454	+ 0,041	9,2
5. Rh	Tab. 30	siehe entsprechendes Kapitel S. 48				
6. Hp	Tab. 33	Bayern, BAITSCH und MEIER (N= 273)				
		Hp 1-1: 19,4	Hp^1: 0,465	Hp^1 : 0,3765	+ 0,088	23
		Hp 2-1: 54,2	Hp^2: 0,535	Hp^2 : 0,6235	- 0,088	14
		Hp 2-2: 26,4				

Fortsetzung Tab. 79

1	2	3	4	5	6	7
7. Gc	Tab. 37	Rheinland-Pfalz, WALTER (N = 747)				
		Gc 1-1: 60,53	Gc^1: 0,778	Gc^1: 0,7175	+ 0,06	8,4
		Gc 2-1: 34,54	Gc^2: 0,222	Gc^2: 0,2825	- 0,06	21,0
		Gc 2-2: 4,93				
8. Gm(1,2)	Tab. 46	Schleswig-Holstein, SACHS (N = 618)				
		Gm(1,-2) : 27,3	Gm^1 : 0,1782	Gm^1 : 0,2031	- 0,025	12,3
		Gm(1,2) : 26,9	$Gm^{1,2}$: 0,1451	$Gm^{1,2}$: 0,0979	+ 0,047	48,2
		Gm(-1,-2): 45,8	$Gm^{non1;1,2}$: 0,6767	$Gm^{non1;1,2}$: 0,6990	- 0,022	31,5
9. Inv(1)	Tab. 53	Rheinland-Pfalz, WALTER (N = 732)				
		Inv(1) : 17,2	Inv^1 : 0,090	Inv^1 : 0,0652	+ 0,025	38
		Inv(-1) : 82,8	Inv^{non1}: 0,910	Inv^{non1}: 0,9348	- 0,025	2,8
10. Tf	Tab. 57	Nordbayern, SITTNER (N = 2 500)				
		Tf C : 99,16	Tf^C : 0,99579	Tf^C : 0,98934	+ 0,0065	0,6
		Tf CB_2 : 0,76	Tf^{B_2} : 0,00382	Tf^{B_2}: 0,00956	- 0,0057	60,0
		Tf CD_1 : 0,33	Tf^{D_1} : 0,00166	Tf^{D_1}: 0,00110	+ 0,00056	50,9
11. acP	Tab. 59	Freiburg, WILLE(N=300) acP BB: 39,0 acP AC: 3,33 acP BC: 6,0 acP AA: 7,0 acP AB: 44,67 acPCC: 0,0	acP^a: 0,3100 acP^b: 0,6434 acP^c: 0,0466	acP^a: 0,3292 acP^b: 0,6061 acP^c: 0,0647	- 0,0192 + 0,0373 - 0,0181	5,8 6,2 28,0

Zunächst wurde für die verschiedenen Kind-Mutter-Vater-Terzetten (im folgenden KMV genannt) der untersuchten Merkmal-Systeme ESSEN-MÖLLER-Werte in Abhängigkeit von Gen-Frequenzen, die in Stufen von 0,05 bzw. 0,1 geändert wurden, berechnet (siehe Abbildung 1, 3, 5, 6, 9a und b und 10 a und b). Die so ermittelten Werte wurden in den folgenden Diagrammen markiert und die Punkte zu Kurven verbunden, welche jeweils für eine Reihe bestimmter KMV-Terzetten Gültigkeit haben.

Rechenbeispiel zur Ermittlung eines ESSEN-MÖLLER-Wertes (zur besseren Nachprüfbarkeit wurde ein Beispiel mit Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk gewählt):

Gegeben sei:

System PGM_1 und KMV 213 x)

Gen-Frequenzen:		Phänotypen-Frequenzen:	
PGM_1^1:	0,772	PGM_1 1-1 (1):	59,6 %
PGM_1^2:	0,228	PGM_1 2-1 (2):	35,2 %
		PGM_1 2-2 (3):	5,2 %

KMV: Mutter: PGM_1 1-1 Vater: PGM_1 2-2

Kind: PGM_1 2-1

Das Kind kann von der Mutter nur das Gen PGM_1^1 erhalten haben. Mögliche Väter sind daher alle, die das Gen PGM_1^2 besitzen, also Männer mit den Phänotypen PGM_1 2-1 und PGM_1 2-2.

---

x) Die einzelnen Phänotypen erhalten in HUMMELs Tabellenwerk zur einfacheren KMV-Darstellung eine Nummer; hier: PGM_1 1-1 = 1, PGM_1 2-1 = 2 und PGM_1 2-2 = 3.

$$\text{ESSEN-MÖLLER-Wert} = \lg \frac{Y}{X} + 10 = \text{x)}$$

$$= \lg \frac{\text{Frequenz des Phänotyps 2-2}}{\text{Frequenz des Phänotyps 2-2}} + 10$$

$$\frac{\text{Frequenz des Phänotyps 2-1}}{2} + \text{Frequenz des Phänotyps 2-2}$$

$$= \lg \left(\frac{\text{Frequenz des Phänotyps 2-1}}{2} + \text{Frequenz des Phänotyps 2-2}\right) + 10$$

$$= \lg \frac{(\text{Gen 2})^2}{\text{Gen 1} \times \text{Gen 2} + (\text{Gen 2})^2} + 10 = \underline{\underline{\lg \text{Gen 2} + 10}}$$

hier:

$$\lg \frac{Y}{X} + 10 = \lg \left(\frac{0{,}352}{2} + 0{,}052\right) + 10 = 9{,}3579$$

oder:

$$\lg \frac{Y}{X} + 10 = \lg 0{,}228 + 10 = 9{,}3579$$

ESSEN-MÖLLER-Wert für KMV 213 im PGM_1-System

(Dieser KMV-Fall entspricht der Kurve III in Abb. 1)

---

x) Allgemeine Formeln zur Berechnung von Y/X-Werten siehe SZCZOTKA und HUMMEL [380].

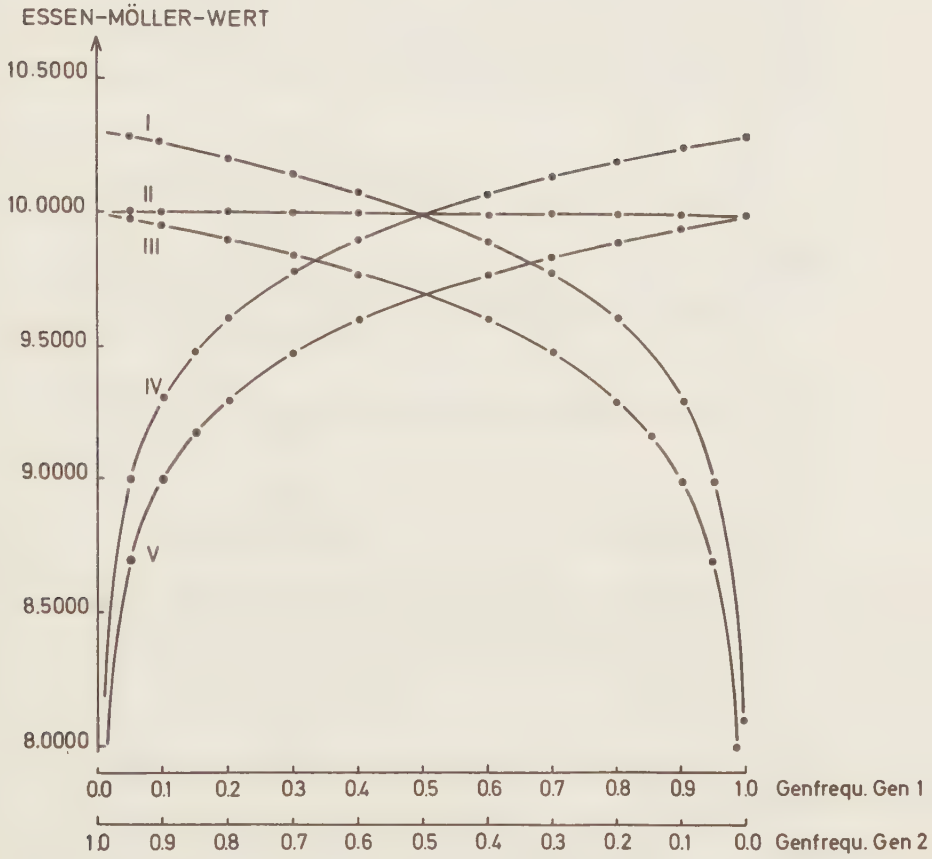


Abb. 1: ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktionen der Systeme des kodominanten 2-Gen-Typs.
Kurve I: KMV 212, 322, 332
Kurve II: KMV 221, 222, 223
Kurve III: KMV 213, 323, 333
Kurve IV: KMV 112, 122, 232
Kurve V: KMV 111, 121, 231

Aus den folgenden Diagrammen ergibt sich, daß die Steigung der Kurve umso größer ist, je mehr die Frequenz des Gens, von dem der ESSEN-MÖLLER-Wert abhängt, gegen Null strebt. - Die zur Änderung des ESSEN-MÖLLER-Wertes um 0,1 notwendige Gen-Frequenz-Änderung (nachfolgend NGÄ genannt) errechnet sich aus der Steigung der Kurve (siehe Abbildung 1 und 2) wie nachfolgend gezeigt werden kann:

$$\text{Steigung der Kurve} = \frac{\text{ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung}}{\text{Gen-Frequenz-Änderung}}$$

$$\text{Gen-Frequenz-Änderung} = \frac{\text{ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung}}{\text{Steigung der Kurve}}$$

Für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von 0,1 (NGÄ) gilt:

$$\text{Notwendige Gen-Frequenz-Änderung (NGÄ)} = \frac{0{,}1}{\text{Steigung der Kurve}}$$

Die Steigung der Kurve ist mathematisch aber die 1. Ableitung (Differentialquotient) der Kurvenfunktion, also hier des ESSEN-MÖLLER-Wertes = $\lg \frac{Y}{X} + 10$.

Dies entspricht der TAYLOR'schen Formel. Danach gilt approximativ:

$$f(p + \Delta) = f(p) + f'(p) \cdot \Delta \ .$$

$f'(p)$ ist die Ableitung von f an der Stelle p.

In unserem Fall ist $f = \lg \frac{Y}{X} + 10$ (ESSEN-MÖLLER-Wert), wobei $f(p)$ der ESSEN-MÖLLER-Wert für die Frequenz p, $f(p + \Delta)$ der für die Frequenz $p + \Delta$ ist. Die Änderung des ESSEN-MÖLLER-Wertes von p zu $p + \Delta$ ist

$$f(p + \Delta) - f(p) = \delta$$

wofür hier $\delta = 0{,}1$ festgesetzt wurde; dann gilt

$$f(p + \Delta) - f(p) = f(p) + f'(p)\,\Delta - f(p) =$$
$$f'(p)\,\Delta = 0{,}1$$

daraus folgt

$$\Delta = \frac{0{,}1}{f'(p)}$$

Der Differentialquotient kann mit Hilfe des Diagramms durch den Differenzenquotienten

$$\frac{f(p + \Delta_o) - f(p)}{\Delta_o}$$

ersetzt werden (Δ_o ist ein in der Nähe von p zu wählender Wert):

$$f(p + \Delta) = \text{EM-Wert}(p + \Delta)$$

$$\boxed{\Delta = \frac{0{,}1 \cdot \Delta_o}{\text{EM-Wert}(p + \Delta_o) - \text{EM-Wert}(p)}}$$

Anwendungsbeispiel (für System PGM_1 und KMV 213, wie oben):

ESSEN-MÖLLER-Wert = lg Gen 2 + 10 =

= ln Gen 2 · ln e + 10

(ln e = 0,4343)

Steigung der Kurve = EM-Wert' = $\frac{0{,}4343}{\text{Gen 2}}$

In Gleichung

$$NGÄ = \frac{0,1}{\text{Steigung der Kurve}}$$

eingesetzt ergibt sich

$$NGÄ = \frac{0,1}{0,4343} \cdot \text{Gen 2}$$

$$NGÄ_{(\text{Gen 2})} = 0,2302 \cdot \text{Gen 2}$$

Die für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung um 0,1 notwendige Gen-Frequenz-Änderung für das Gen 2 beträgt demnach 23 % des Ausgangswertes dieser Genfrequenz (konkret: der HUMMEL-Frequenz für Gen 2). Der errechnete Wert für $NGÄ_{(\text{Gen 2})}$ - in diesem Fall 0,01197 - läßt sich an entsprechender Stelle (hier: für KMV 213) in Abbildung 2 ablesen.

Auf gleiche Weise wurde bezüglich der übrigen KMV-Möglichkeiten und damit der übrigen Gen-Frequenzen innerhalb der 2-Gen-3-Phänotypen-Systeme verfahren. Die damit errechneten Werte für die NGÄ ergeben Abbildung 2. Die Werte für die Kurven in Abbildung 2 können jedoch auch graphisch aus Abbildung 1 ermittelt werden. Dabei zeigt sich, daß dort, wo die Steigung der ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktionskurve in Abbildung 1 am größten ist, nämlich im kleinen Gen-Frequenz-Bereich, die entsprechende Kurve in Abbildung 2 die kleinsten Werte ergibt. Die notwendige Gen-Frequenz-Änderung (NGÄ) von 0,1 ist folglich außer von den KMV-Konstellationen auch vom Gen-Frequenz-Bereich abhängig, in dem die Änderung stattfindet.

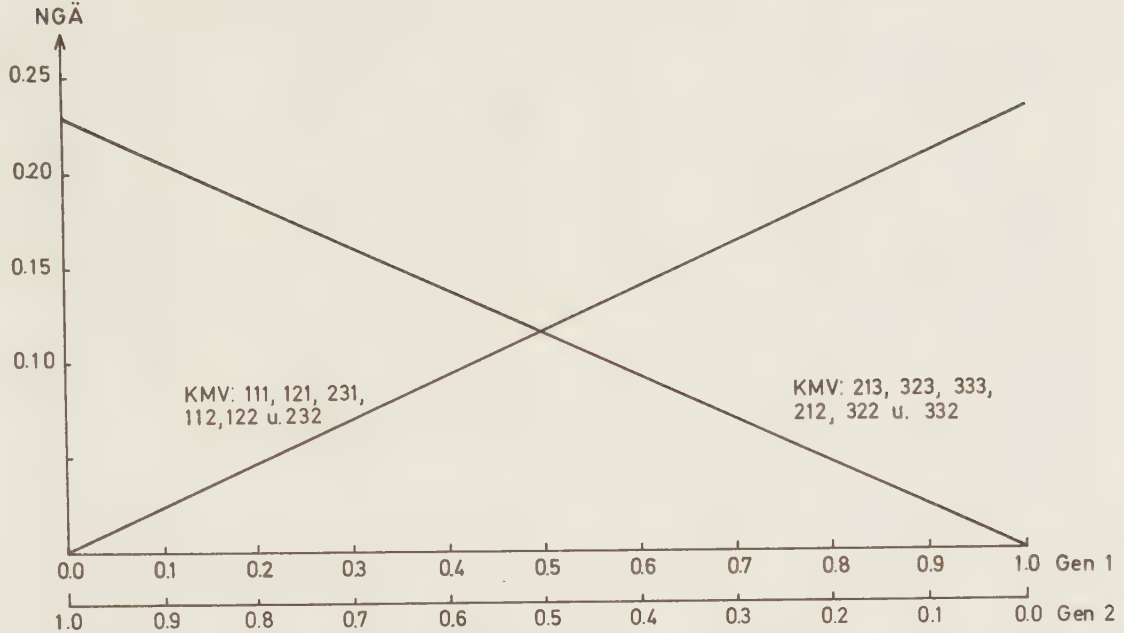


Abb. 2: Systeme des kodominanten 2-Gen-Typs. - Zur Änderung des EM-Wertes notwendige Gen-Frequenz-Änderung (NGÄ) in Abhängigkeit von der Gen-Frequenz.- Bei den nicht gezeichneten KMV-Terzetten (221, 222, 223) ist der EM-Wert (=10.0000) unabhängig von der Gen-Frequenz. - Die Kurve muß jeweils zwischen den beiden zu vergleichenden Gen-Frequenzen abgelesen werden.

Anwendungsbeispiel:

In Tabelle 77 wird für das Gen ADA^2 eine Frequenz-Differenz (deutscher Gen-Frequenz-Mittelwert - Gen-Frequenz nach HUMMEL) von 0,01 ermittelt. Wir nehmen wieder eine KMV-Konstellation von 213 (wie oben) an und lesen auf der Mitte zwischen den beiden zu vergleichenden Gen-Frequenzen in Abbildung 2 (Bereich Gen 2) ab und erhalten eine NGÄ von etwa 0,015 - 0,016 (errechnet: 0,0163). Da die tatsächliche Abweichung jedoch geringer ist, liegt auch die ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung unter 0,1 und ist folglich unbedeutend (gemessen an der Ausgangsvoraussetzung einer EM-Wert-Abweichung von 0,1).

Aus Abbildung 3, die die Blutmerkmal-Systeme mit 2 Genen, wovon eines rezessiv vererbt wird (Typ Kell), betrifft, ergibt sich, daß die ESSEN-MÖLLER-Werte der KMV-Terzetten 211, 221, 112 und 111 bei Gen-Frequenz-Änderung nur geringe Änderung zeigen. Deutlichere Abhängigkeit der ESSEN-MÖLLER-Werte von Gen-Frequenz-Abweichungen lassen sich dagegen bei den Kombinationen 121, 222 und 212 feststellen. Es fällt auf, daß die ersteren KMV-Kombinationen über nahezu alle Frequenz-Bereiche bei relativ hohen ESSEN-MÖLLER-Wert-Bereichen abgelesen werden können, während die zweite Gruppe mit größeren ESSEN-MÖLLER-Wert-Abweichungen pro Gen-Frequenz-Differenz teilweise in geringeren ESSEN-MÖLLER-Wert-Bereichen zu finden ist.

Für die Merkmal-Systeme der Abbildung 3 ergeben sich die zu einer ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von 0,1 notwendigen Gen-Frequenz-Änderungen (NGÄ) aus Abbildung 4. Hier wurden diejenigen ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktionen berücksichtigt, in der sich Gen-Frequenz-Änderungen stärker auswirken; es handelt sich um die der Abbildung 3 entsprechende Gruppe

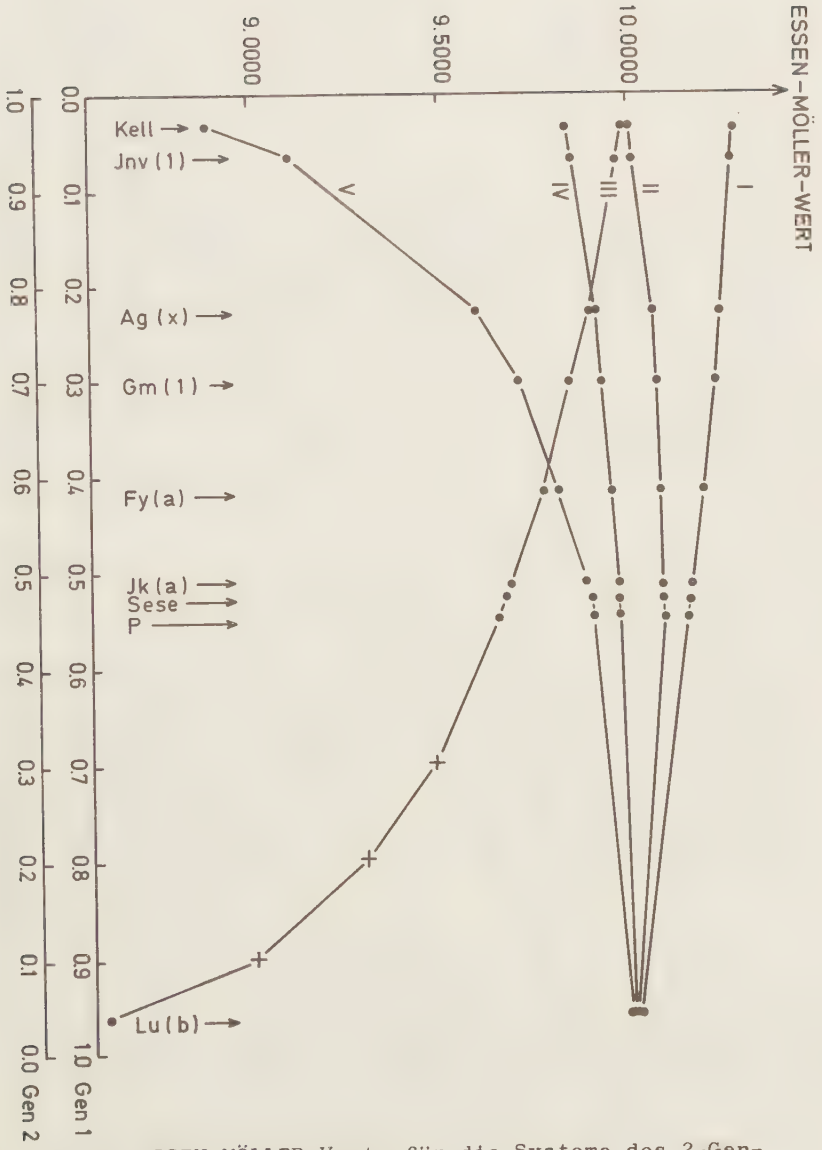


Abb. 3: ESSEN-MÖLLER-Werte für die Systeme des 2-Gen-2-Phänotypen-Typs, gezeichnet nach den Werten der HUMMEL-Tabellen für die Systeme K, Inv, Ag(x), Gm(1), Fy(a), Jk(a), Sese, P und Lu(b). - Mit x bezeichnete Werte wurden berechnet. - Kurve I: KMV 211, 221; Kurve II: KMV 112; Kurve III: KMV 222, 212; Kurve IV: KMV 111; Kurve V: KMV 121.

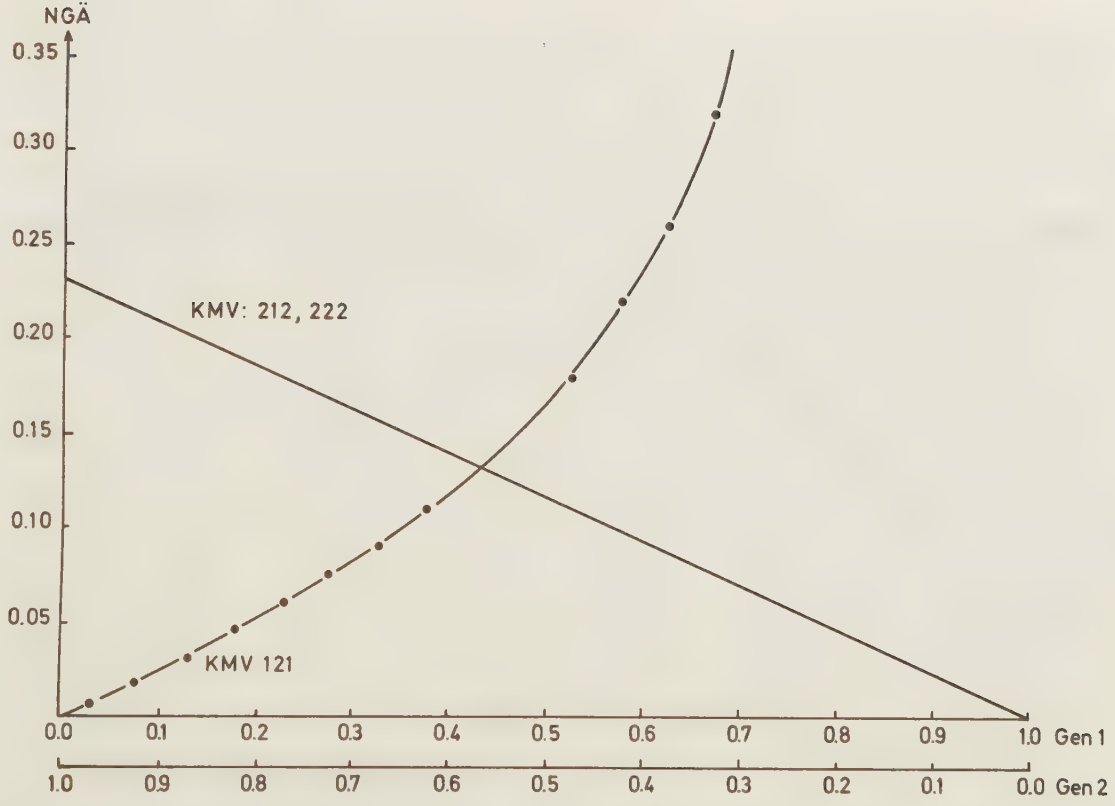


Abb. 4: Systeme des 2-Gen-2-Phänotypen-Typs. NGÄ in Abhängigkeit von der Gen-Frequenz.

der KMV-Konstellationen 121,212 und 222. Der starke Anstieg der Kurve für KMV 121 erklärt sich daraus, daß die ESSEN-MÖLLER-Werte mit steigender Frequenz von Gen 1 asymptotisch gegen 10,0000 streben, die Steigung und damit die Empfindlichkeit gegen Gen-Frequenz-Änderungen folglich gegen Null strebt.

Die Blut-Merkmal-Systeme, die durch die Existenz dreier Gene komplizierter zu untersuchen sind, bedingen bei der Aufzeichnung der Frequenz-Änderungen, daß jeweils die Frequenz eines Gens konstant gehalten wird. Abbildung 5 zeigt die Abhängigkeiten der ESSEN-MÖLLER-Werte in einem Frequenz-Bereich von 0,0 bis 0,5 (Gen A = p^a) bzw. 0,435 bis 0,935 (Gen B = p^b), wobei Gen C (= p^c) mit einer Frequenz von 0,065 konstant gehalten wurde (dieser Wert entspricht etwa dem Gen-Frequenz-Wert aus HUMMELs Tabellenwerk für Gen C im System acP).

Abbildung 6 zeigt die Abhängigkeit der ESSEN-MÖLLER-Werte des gleichen Merkmal-System-Typs von den Gen-Frequenzen p^a bzw. p^c, wobei p^b mit einer Frequenz von 0,6 konstant gehalten wurde. Auch in diesem Diagramm fällt wieder die relativ geringe Steigung einiger Kurven in den hohen ESSEN-MÖLLER-Wert-Bereichen auf. Die Geraden ohne Steigung (II, IV, VIII und IX/ Abbildung 6 und V/Abbildung 5) zeigen isolierte Abhängigkeit von der in diesem Diagramm konstant gehaltenen Gen-Frequenz. Das bedeutet, daß sich bei Frequenz-Änderung der hier variablen Gene keine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderungen ergeben.

Die notwendige Gen-Frequenz-Änderung (NGÄ), die beiden vorausgehenden Abbildungen betreffend, sind in den Abbildungen 7 und 8 dargestellt. Auch hier gilt: Je höher die NGÄ-Bereiche liegen, desto geringer ist die zugehörige Steigung (in Abbildung 5 und 6) der ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktions-Kurve und umgekehrt.

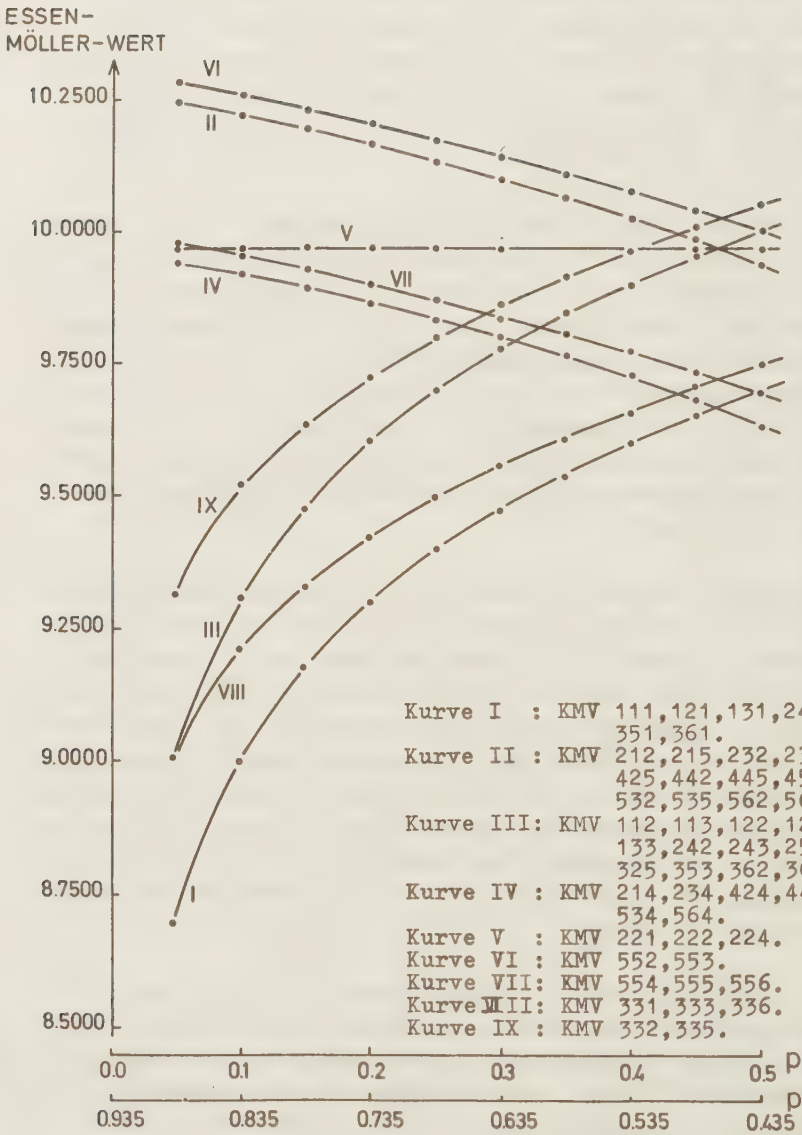
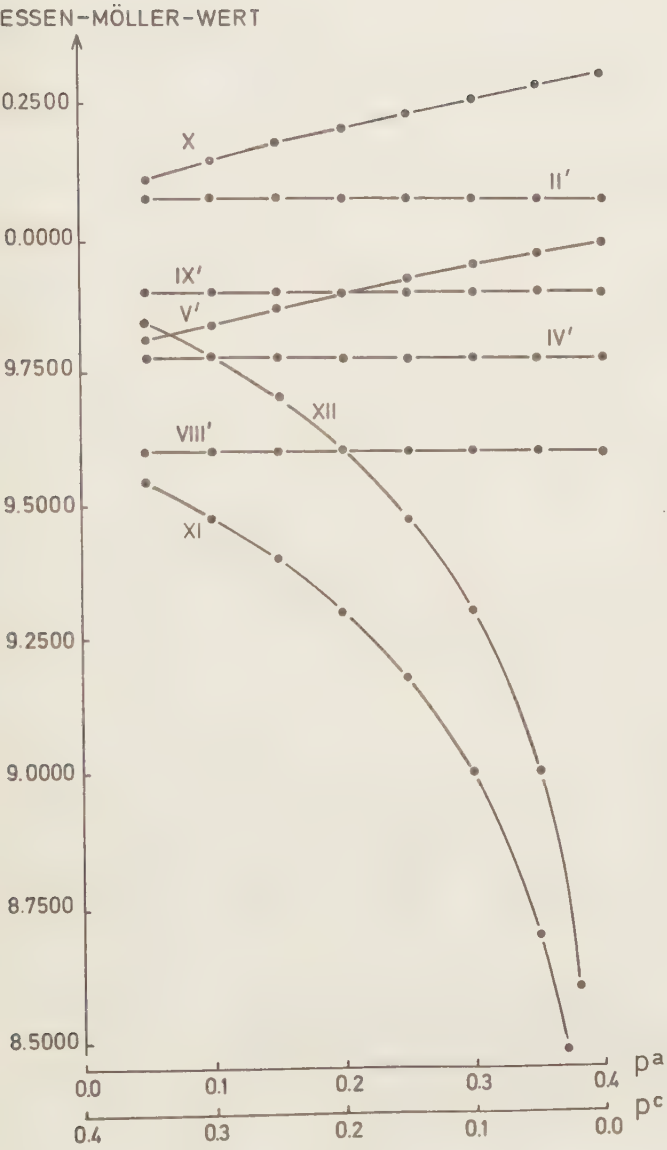


Abb. 5: Systeme des acP-Typs (3 Gene). EM-Werte in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen p^a und p^b. p^c ist feststehend mit 0,065 angenommen.



Kurve:	KMV:
II'	212,215, 232,235, 422,425, 442,445, 452,455, 532,535, 562,565.
IV'	214,234, 424,444, 454,534, 564.
V'	221,222, 224.
VIII'	331,333, 336.
IX'	332,335.
X	223,225.
XI	316,326, 526,546, 636,656, 666.
XII	313,315, 323,325, 523,525, 543,545, 633,635, 655,663, 665,653.

Abb. 6: Systeme des acP-Typs (3 Gene). EM-Werte in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen p^a und p^c. p^b ist festehend mit 0,6000 angenommen.

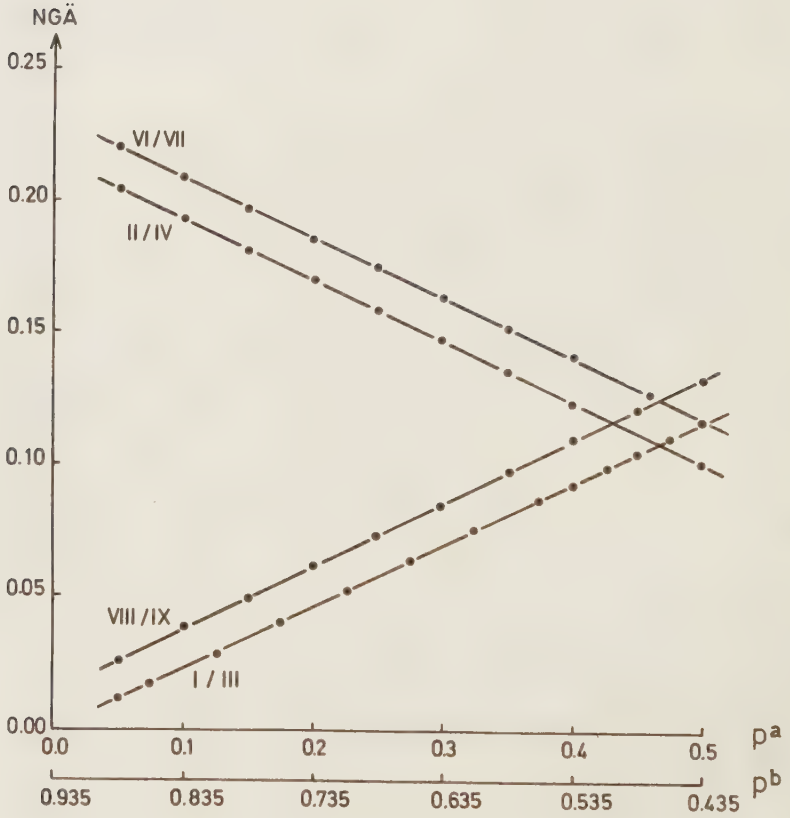


Abb. 7: Systeme des acP-Typs (3 Gene). NGÄ in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen p^a und p^b (p^c konstant 0,065). Die Bezeichnung der Kurven entspricht den KMV-Konstellationen in Abb. 5.

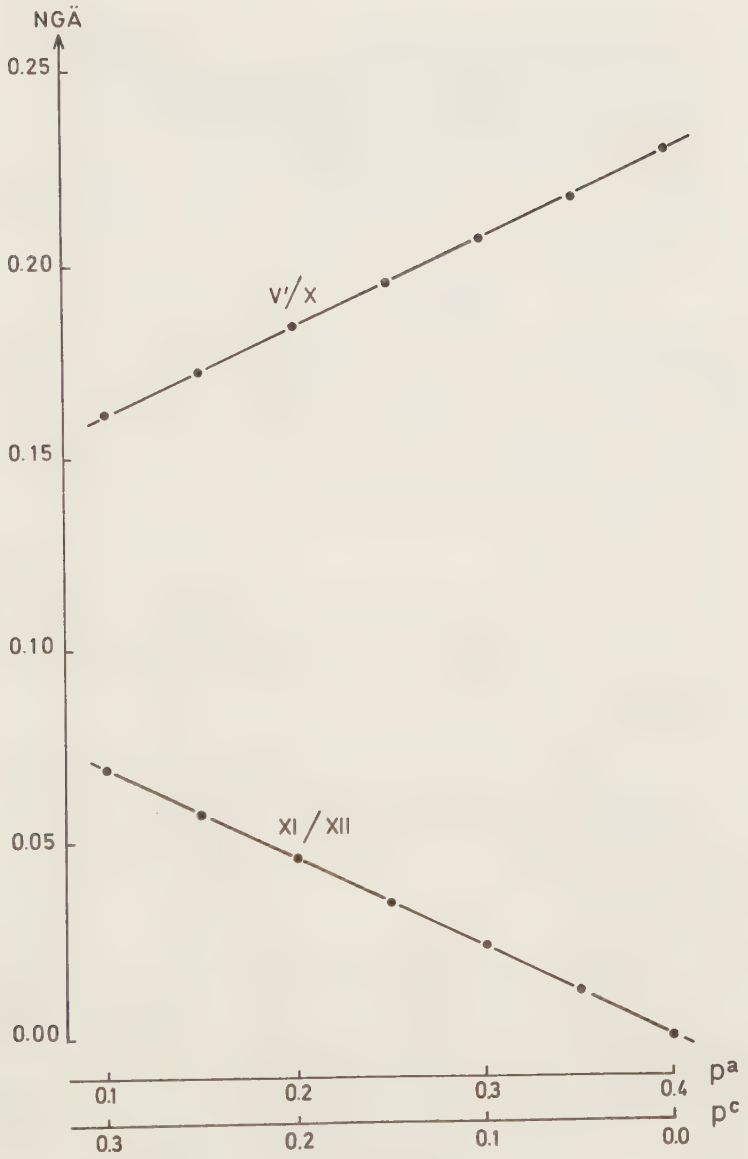


Abb. 8: Systeme des acP-Typs (3 Gene). NGÄ in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen p^a und p^c (p^b konstant 0,6000) Bezeichnung der Kurven wie in Abb. 6.

Die Abbildungen 9 und 10 dienten der näherungsweisen Auffindung der notwendigen Gen-Frequenz-Änderungen für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Abweichung von 0,1 (NGÄ) für einige KMV-Konstellationen im ABO-System unter Zugrundelegung konstruierter Gen-Frequenz-Relationen. Sie können daher für realitätsbezogene Gen-Frequenz-Kombinationen keine exakte Aussage liefern.

In Abbildung 9 a sind 10 ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktionen für insgesamt 40 KMV-Terzetten in Abhängigkeit von den Frequenzen der Gene A_1 und B unter Konstanthaltung der Frequenzen für A_2 und O aufgetragen. - Abbildung 9 b zeigt die gleichen KMV-Kombinationen aber hier mit Variation der Gen-Frequenzen für A_2 und O bei Konstanz der Frequenzen für A_1 und B.

In Abbildung 10 a und b sind die ESSEN-MÖLLER-Wert-Kurven für 24 KMV-Konstellationen in Abhängigkeit von den Frequenzen für die Gene A_1 und A_2 bzw. B und O unter Konstanz der Gen-Frequenzen für B und O bzw. A_1 und A_2 aufgetragen.

Die graphische Auswertung der Abbildungen 9 a bis 10 b ergeben folgende für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von 0,1 notwendige Gen-Frequenz-Änderungen (Tabelle 80):

Tab. 80

Gen	Frequenzen der HUMMEL-Tabelle	Notwendige Gen-Frequenz-Änderung (NGÄ) (errechnet)	Toleranz-Bereich (= HUMMEL-Frequenz ± NGÄ)
A_1	0,2274	0,059 nach oben 0,047 nach unten	0,181 - 0,286
A_2	0,0580	0,013 nach oben 0,012 nach unten	0,046 - 0,073
B	0,0789	0,020 nach oben 0,016 nach unten	0,063 - 0,099
O	0,6357	0,165 nach oben 0,131 nach unten	0,505 - 0,800

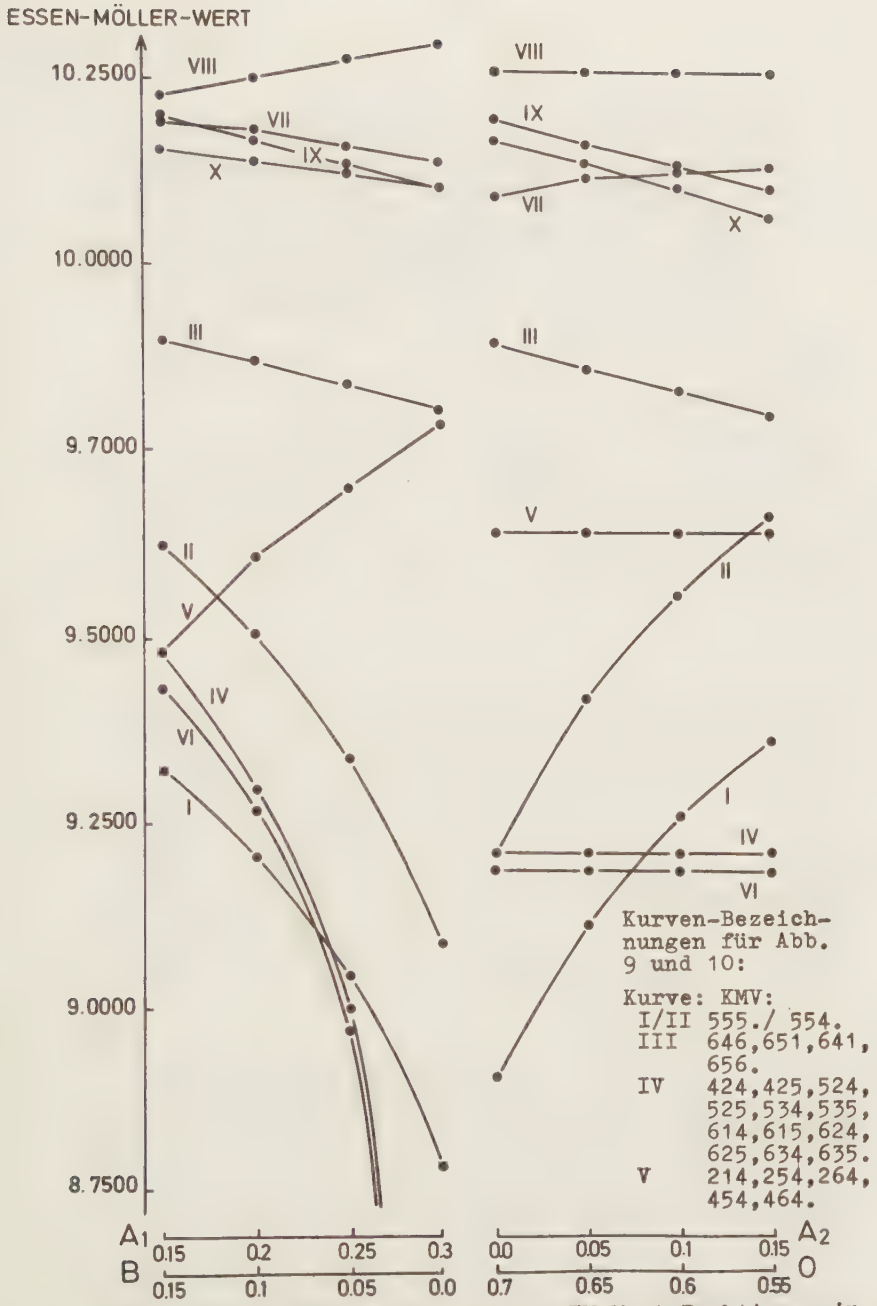


Abb.9 a und b: ABO-System. Einige EM-Wert-Funktionen in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen A_1 und B bei Konstanz der Frequenzen A_2=0,06 und O =0,64 (Abb. 9a) bzw. A_2 und O bei Konstanz der Frequenzen A_1=0,22 und B =0,08 (Abb. 9b).

Anmerkung zu Tabelle 80:

Für verschiedene KMV-Konstellationen wirken sich Frequenz-Änderungen verschieden aus. Es wurde hier jeweils d i e Frequenz-Änderung ausgewählt, die die größte Auswirkung für eine oder mehrere KMV-Konstellationen hat. - Die NGÄ dieser Tabelle gelten nur im Bereich der Frequenzen nach HUMMEL, da die Frequenz der konstant gehaltenen Gene bei Berechnung der NGÄ etwa den Gen-Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk entsprechend angenommen wurde.

Beim Ablesen der Tabelle 80 ist zu bedenken, daß eine bestimmte Frequenz-Änderung, die für e i n Gen noch tolerierbar scheint, für ein weiteres Gen eine nicht mehr in dessen Toleranz-Bereich liegende Abweichung zur Folge haben kann. Das bedeutet aber andererseits, daß Gen-Frequenz-Abweichungen immer bezüglich aller möglichen Gene dieses Systems auf ihren Toleranz-Bereich hin betrachtet werden müssen.

Aus den Abbildungen 2, 4, 7 und 8 ergibt sich, daß zu einer Änderung des ESSEN-MÖLLER-Wertes um 0,1 Gen-Frequenz-Änderungen von mindestens 23 % (Relativprozent - bezogen auf die Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk) vorliegen müssen. Daraus erklärt sich auch die Tatsache, daß in den niedrigen Gen-Frequenz-Bereichen die Gen-Frequenz-Abweichungen stärkeren Einfluß auf die Änderung der ESSEN-MÖLLER-Werte haben, d. h. die ESSEN-MÖLLER-Werte störungsanfälliger sind (siehe auch Abbildungen 1, 3, 5, 6 und 9, 10).

Weil die Kurven für die ESSEN-MÖLLER-Werte ihre Steigung in Abhängigkeit von der Gen-Frequenz ändern (besonders auffällig Kurve IV in Abbildung 9 a), unterscheiden sich die notwendigen Gen-Frequenz-Änderungen (für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung um 0,1) nach oben von denen bei einer Abweichung nach unten. Der angegebene Wert von 23 Relativprozent ist als Mittelwert aufzufassen, der - streng genommen - nur gilt, wenn die Gen-Frequenz-Ände-

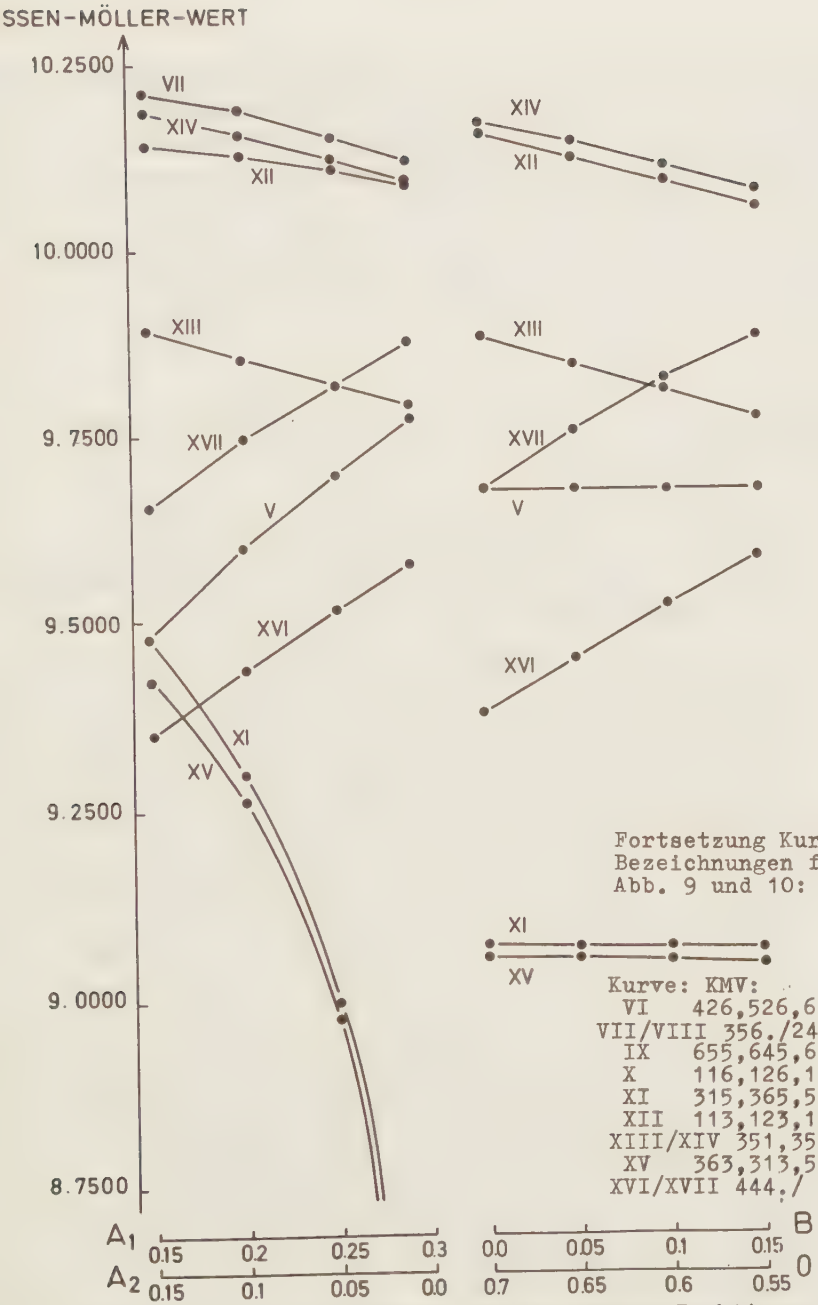


Abb.10 a und b: ABO-System. Einige EM-Wert-Funktionen in Abhängigkeit von den Gen-Frequenzen A_1 und A_2 bei Konstanz der Frequenzen von B=0,08 und 0=0,62 (^{2}Abb.10a) bzw. B und 0 bei Konstanz der Frequenzen A_1=0,24 und A_2= 0,06 (Abb. 10b)

rung sehr gering ist (gegen Null strebt). So erfordert zum Beispiel eine Änderung des ESSEN-MÖLLER-Wertes für die KMV-Konstellation 424 (Kurve IV in Abbildung 9 a) von 9,1981 auf 9,2981 eine Frequenz-Änderung des Gens B von 0,0789 auf 0,0993, also um 25,8 %; eine ebenso große ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung nach unten, also von 9,1981 auf 9,0981 dagegen eine Frequenz-Änderung von 0,0789 auf 0,0627, also nur um 20,5 %.

Zusammenfassend lassen sich folgende Tatsachen aus den Abbildungen ablesen:

1. Der Wert für die NGÄ (notwendige Gen-Frequenz-Änderung für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung um 0,1) ist umgekehrt proportional der Steigung der ESSEN-MÖLLER-Wert-Funktionskurve (Abbildungen 1, 3, 5, 6, 9 und 10)
2. In 3- und Mehr-Gen-Systemen, in denen jeweils 1 oder mehrere Gen-Frequenzen im Wechsel konstant gehalten werden müssen, um die beiden anderen Gen-Frequenzen variieren zu können, bedeuten Kurven, deren Steigung sich beim Übergang von einer Gen-Frequenz-Konstanz in die andere nicht oder nur wenig ändert (z. B. von Abbildung 9 a nach 9 b mit Konstanz der Gen-Frequenzen von Gen A_2 und O bzw. A_1 und B), daß die ESSEN-MÖLLER-Werte nicht nur von der Frequenz e i n e s Gens abhängen (Abbildung 9 a und b: Kurven III, IX und X/ Abbildung 10 a und b: alle Kurven außer V, X und XV).
3. Für die gleichen Merkmal-System-Gruppen wie unter 2. gilt, daß Kurven, deren Steigung bei Konstanz der Frequenz eines bestimmten Gens oder Gen-Paares Null ist, die alleinige Abhängigkeit des ESSEN-MÖLLER-Wertes von eben diesem konstant gehaltenen Gen aussagen (Abbildung 9 b: Kurven IV, V, VI und VIII / Abbildung 10 b: Kurven V, IX und XV / Abbildung 5: Kurve V / Abbildung 6: Kurven II, IV, VIII und IX').

4. Es wurde kein KMV-Fall innerhalb der untersuchten Systeme gefunden, dessen notwendige Gen-Frequenz-Änderung für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von 0,1 unter einem Mittelwert von 23 Relativprozent liegt.

VII. Zusammenfassung und abschließende Wertung der Ergebnisse.

Durch den Vergleich der Phänotypen-Frequenzen aus einem umfangreichen Stichproben-Material deutscher Populationen konnten unterschiedliche Differenzen zu den von HUMMEL et al. [172] der Berechnung der ESSEN-MÖLLER-Werte zugrunde gelegten Phänotypen-Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk festgestellt werden. Diese Differenzen sollten hinsichtlich einer möglichen ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung um 0,1 (siehe Einleitung) untersucht werden.

Dazu wurden zunächst mit Hilfe der Chi-Quadrat-Methode die Populations-Stichproben aus den verschiedenen deutschen Regionen auf Verteilungs-Homogenität ihrer Phänotypen-Frequenzen in den einzelnen Blutmerkmal-Systemen untersucht. Bei homogener Frequenz-Verteilung wurde der Frequenz-Mittelwert zum Vergleich mit HUMMELs Frequenzen herangezogen, bei heterogener Frequenz-Verteilung wurden die Maximal-Abweichungen betrachtet. Hier wurde zusätzlich die Region Hessen als "eigene Region" gesondert überprüft. Nach Errechnung der Gen-Frequenzen für Mittelwerte und Maximal-Abweichungen wurden diese mit den entsprechenden Gen-Frequenzen nach HUMMEL verglichen. Die resultierenden Frequenz-Abweichungen wurden in Relativprozent, bezogen auf die Gen-Frequenz nach HUMMEL, ausgedrückt.

Schließlich konnten die für die anfangs postulierten ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderungen von 0,1 notwendigen Gen-Frequenz-Differenzen für die unterschiedlichen KMV-Terzetten rechnerisch und graphisch ermittelt werden. Es ergab sich ein Mindestwert dieser Abweichung von etwa 23 % (Relativprozent bezogen auf die von HUMMEL im Tabellenwerk benutzten Frequenzen). Es ist anzunehmen, daß auch für das Rhesus-System dieser Grenzwert von 23 % Gültigkeit besitzt. Eine rechnerische Überprüfung für alle möglichen KMV-Konstellationen in diesem System würde aber wegen Umfang und Kompliziertheit der Berechnungen (in der HUMMEL-Tabelle wurden 13 (!) Phänotypen berücksichtigt) über den Rahmen dieser Arbeit hinausführen.

Ein Vergleich der notwendigen Gen-Frequenz-Änderung (für eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von 0,1) mit den tatsächlich ermittelten Abweichungen von HUMMELs Frequenzen brachte folgendes Ergebnis:

1. Von den 5 in Deutschland homogen verteilten Merkmal-Systemen Duffy, Kidd, AK, ADA und GPT, ergab sich nur in einem - GPT - eine Frequenz-Mittelwert-Abweichung, die höher als 23 Relativprozent liegt. Für das GPT-System zeigt sich die kritische Abweichung für die Frequenz des Gens GPT^3. Da im Vergleich zur Seltenheit dieses Gens das statistische Zahlenmaterial noch recht gering ist, sollten aus dieser Feststellung noch keine endgültigen Schlüsse bezüglich der Verteilung in der deutschen Bevölkerung gezogen werden. - Daraus folgt, daß in diesen Systemen die gefundenen Differenzen zu den Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk keine wesentlichen Änderungen (weniger als 0,1) der tabellierten ESSEN-MÖLLER-Werte und damit keine Änderung der Wahrscheinlichkeitswerte W zur Folge haben.

2. In der Region Hessen zeigen von 11 verteilungshomogenen Merkmal-Systemen 2 Gen-Frequenz-Abweichungen, die über der kritischen Grenze von 23 Relativprozent liegen. Bei diesen abweichenden Befunden handelt es sich ausschließlich um Gene mit den niedrigsten Frequenzen eines Systems. Die Auswirkungen ihrer Frequenz-Abweichungen auf die jeweiligen ESSEN-MÖLLER-Werte ergeben sich aus den vorausgehenden Abbildungen bzw. der Tabelle 80 wie folgt:

   a. ABO-System, Gen B:

Gen-Frequenz nach HUMMEL		0,0789	
Gen-Frequenz errechnet aus Tabelle 4		0,0985	
Differenz	+	24,8	Relativ-prozent

   Nach Tabelle 80 ist damit der Toleranz-Bereich für Gen B nicht überschritten, folglich bleibt die ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung unter 0,1.

b. Kell-System, Gen K:

Gen-Frequenz nach HUMMEL		0,0393
Gen-Frequenz errechnet aus Tabelle 13		0,0532
Differenz	+	35,37 Relativ-prozent

Aus Abbildung 3 bzw. 4 ergibt sich hier für nur e i n e KMV-Konstellation (121) eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung von etwas mehr als 0,1.

3. Von den Merkmal-Systemen mit heterogener Frequenz-Verteilung in Deutschland wurden zur Veranschaulichung Frequenzen mit maximalen Abweichungen den Frequenzen nach HUMMEL gegenübergestellt. Es ist jedoch zu beachten, daß die mittleren Abweichungen geringer sein müssen. Aus diesem Grunde wurden diejenigen Merkmal-Systeme, deren Maximal-Abweichungen im Grenzbereich des kritischen Wertes von 23 Relativprozent liegen, nicht weiter hinsichtlich ihrer Auswirkung auf den ESSEN-MÖLLER-Wert untersucht. Es handelt sich um die Systeme Hp, Gc, acP und PGM. Ebenso wurde das Tf-System nicht mit einbezogen, obwohl hier Abweichungen von 50 bis 60 Relativprozent vorliegen. Da diese Frequenz-Differenzen aber die sehr seltenen Gene Tf^{B2} und Tf^{D1} betreffen, während die Frequenz für das Gen Tf^{C} praktisch keine Abweichung von der entsprechenden bei HUMMEL zeigt, ist anzunehmen, daß die hohen Differenzen überwiegend auf die zu geringe Probanden-Zahl im vorliegenden Stichproben-Material zurückzuführen ist.

Es bleiben demnach noch die Systeme ABO mit der Frequenz des Gens B, Kell mit der Frequenz des Gens K, Gm mit der Frequenz der Gene $Gm^{1,2}$ und $Gm^{non\ 1;1,2}$ und Inv mit der Frequenz der Gene Inv^{1} und $Inv^{non\ 1}$, die in bestimmten Fällen eine ESSEN-MÖLLER-Wert-Änderung um mindestens 0,1 ver-

ursachen können. Für diese Systeme wurde eine Vergleichs-Übersicht zusammengestellt (Tabelle 81), die die aus den jeweiligen deutschen Phänotypen-Frequenz-Mittelwerten berechneten Gen-Frequenzen und die entsprechenden Gen-Frequenzen nach HUMMEL enthält. Die Differenzen zu HUMMELs Gen-Frequenzen erreichen so in keinem der genannten Systeme die kritische 23 % - Grenze, die eine Änderung der ESSEN-MÖLLER-Werte zur Folge haben würde. - Es sei jedoch hier auf die Fragwürdigkeit der Festsetzung eines gesamtdeutschen Mittelwertes bei hochsignifikant verteilungsheterogenen Systemen hingewiesen.

Schlußfolgerung:

Trotz dieser gefundenen Abweichungen zu den Gen-Frequenzen nach HUMMELs Tabellenwerk sollte man zum gegenwärtigen Zeitpunkt davon absehen, etwa regionalspezifische ESSEN-MÖLLER-Werte zu berechnen oder den HUMMEL-Tabellen neue Gen-Frequenzen zugrunde zu legen, da

1. die Abweichungen nur in wenigen Systemen (- und hier mit Ausnahme von Gm(1,2) nur bezüglich der Gene mit den niedrigsten Frequenzen -) den geforderten Betrag von im Mittel 23 Relativprozent übersteigen (siehe Tabelle 82);
2. die Abweichungen sich meist nur in wenigen KMV-Konstellationen (bei Kell nur in 1 (!) KMV-Konstellation) auswirken;
3. die Erforschung der Gen-Koppelungen zwischen den einzelnen Blutgruppen-Systemen im Flusse und damit zu rechnen ist, daß zu den bereits gefundenen noch weitere gekoppelte Merkmale entdeckt werden, was eine grundsätzliche Änderung der HUMMEL-Tabellen erforderlich machen würde sowie

4. in einigen Systemen die Zahl der bisher untersuchten Probanden - gemessen an der oft sehr kleinen Frequenz eines oder mehrerer Gene - noch zu gering ist und man weitere - möglicherweise mehr gezielte - Untersuchungen abwarten sollte.

Die vorliegenden Daten werden als Beitrag für eine zukünftige Überarbeitung des vorliegenden HUMMELschen Tabellenwerkes zur Verfügung gestellt.

Tab. 81 Vergleich deutscher Gen-Frequenz-Mittelwerte mit Gen-Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk in den Merkmal-Systemen ABO, Kell, Gm und Inv.

Merkmal-System	Gen-Frequenzen nach HUMMEL	Gen-Frequenzen errechnet aus dem Phänotypen-Frequenz-Mittelwert	Abweichungen von den Frequenzen nach HUMMEL	
			% (absolut)	% (relativ)
ABO:				
A_1	0,2274	0,2223	- 0,0051	2,2
A_2	0,0580	0,0635	+ 0,0055	9,5
B	0,0789	0,0888	+ 0,0099	12,5
Kell:				
K-	0,96073	0,95827	- 0,0246	0,26
K+	0,03927	0,04173	+ 0,0246	6,26
Gm:				
Gm^1	0,2031	0,1970	- 0,0061	3,0
$Gm^{1,2}$	0,0979	0,0984	+ 0,0005	0,5
$Gm^{non1;1,2}$	0,6990	0,7046	+ 0,0056	0,8
Inv:				
Inv^1	0,0652	0,0718	+ 0,0066	10,12
$Inv^{non\ 1}$	0,9348	0,9282	- 0,0066	0,71

Tab. 82 Übersicht über Mittelwert- bzw. Extremwert-Abweichungen der Gen-Frequenzen von den Gen-Frequenzen aus HUMMELs Tabellenwerk in Absolut- und Relativ-Prozent in 17 Blutmerkmal-Systemen (hessische Werte sind nur aufgenommen bei Verteilungs-Heterogenität in Deutschland)

Merkmal-System		Region: Deutschland = D Hessen = H	homogen = + heterogen = -	Abweichungen der Gen-Frequenzen (errechnet aus den Mittel- bzw. Extremwerten) von den Gen-Frequenzen nach HUMMEL		Anmerkungen
				Absolutprozent	Relativprozent	
1. ABO:	A	D	-	- 0,0005	- 1,8	Drift
	B			+ 0,0478	+ 60,5	Abweichung > 23 %
	0			- 0,0483	- 7,6	
	A_1			- 0,0222	- 9,8	
	A_2			+ 0,0072	+ 12,4	
	B			+ 0,0422	+ 53,5	Abweichung > 23 %
	0			- 0,0272	- 4,3	
	A_1	H	+	+ 0,0063	+ 2,8	
	A_2			- 0,0026	- 4,5	
	B			+ 0,019	+ 24,8	Abweichung > 23 %
	0			- 0,023	- 3,7	
2. MNSs:	M	D	-	+ 0,0139	+ 2,5	Die Extremwerte von WENDT [409] und WALTER [398] sind nicht berücksichtigt
	N			- 0,0139	- 3,1	
	M	H	+	- 0,0081	- 1,46	
	N			+ 0,0081	+ 1,8	

3. Kell:	K	D	-	+ 0,0410	+ 100,4	Abweichung > 23 %
	K-			- 0,0410	- 4,3	
	K	H	+	+ 0,0139	+ 35,37	Abweichung > 23 %
	K-			- 0,0139	- 1,45	nur Nordhessen
4. P:	P	D	-	- 0,041	- 7,4	
	p			+ 0,041	+ 9,2	
	P	H	(+)	+ 0,011	+ 2,0	schwach heterogen,
	p			- 0,011	- 2,49	Raum Marburg
5. Fy:	Fy^a	D	+	+ 0,0121	+ 2,9	
	$Fy^{non\ a}$			- 0,0121	- 2,1	
	Fy^a			+ 0,0086	+ 2,1	
	Fy^b			- 0,0086	- 1,5	
6. Jk:	Jk^a	D	+	- 0,0048	- 0,9	
	$Jk^{non\ a}$			+ 0,0048	+ 1,0	
	Jk^a			- 0,0059	- 1,1	
	Jk^b			+ 0,0059	- 1,2	
7. Rh:		D	-	siehe entsprechendes Kapitel		alle Abweichungen < 23 %
		H	+			

8. Hp: Hp^1	D	-	+ 0,088	+ 23	Abweichung = 23 %
Hp^2			- 0,088	- 14	
Hp^1	H	+	+ 0,042	+ 11,2	
Hp^2			- 0,042	- 6,8	
9. Gc: Gc^1	D	-	+ 0,06	+ 8,4	
Gc^2			- 0,06	- 21,0	
Gc^1	H	+	+ 0,0093	+ 1,3	Raum Marburg
Gc^2			- 0,0093	- 3,3	
10. Gm(1,2):					Drift
Gm^1	D	-	- 0,025	- 12,3	
$Gm^{1,2}$			+ 0,047	+ 48,2	Abweichung > 23 %
$Gm^{non1;1,2}$			- 0,022	- 31,5	Abweichung > 23 %
Gm^1	H	+	- 0,0023	- 1,1	
$Gm^{1,2}$			+ 0,0007	+ 0,8	
$Gm^{non1;1,2}$			+ 0,0016	+ 0,2	
11. Inv: Inv^1	D	-	+ 0,025	+ 38	Abweichung > 23 %
Inv^{non1}			- 0,025	- 2,8	
Inv^1	H	+	+ 0,0087	+ 13,3	Drift
Inv^{non1}			- 0,0087	- 0,9	

12. Tf: Tf^C	D	-	+ 0,0065	+ 0,6	
Tf^{B2}			- 0,0057	- 60,0	Abweichung > 23 %
Tf^{D1}			+ 0,00056	+ 50,9	Abweichung > 23 %
13. acP: acP^a	D	-	- 0,0192	- 5,8	
acP^b			+ 0,0373	+ 6,2	
acP^c			- 0,0181	- 28,0	Abweichung > 23 %
acP^a	H	(+)	+ 0,031	+ 9,5	schwach heterogen
acP^b			- 0,025	- 4,12	
acP^c			+ 0,0063	+ 9,7	
14. PGM_1: PGM_1^1	D	-	+ 0,054	+ 7,0	
PGM_1^2			- 0,054	- 23,7	Abweichung > 23 %
PGM_1^1	H	+	+ 0,011	+ 1,4	
PGM_1^2			- 0,011	- 4,8	
15. AK: AK^1	D	+	- 0,0035	- 0,4	
AK^2			+ 0,0035	+ 10,0	
16. ADA: ADA^1	D	+	+ 0,0099	+ 1,1	
ADA^2			- 0,0099	- 15,0	
17. GPT: GPT^1	D	+	- 0,0168	- 3,34	
GPT^2			+ 0,0151	+ 3,06	
GPT^3			+ 0,00158	+ 45,14	Abweichung > 23 %

VIII. Anhang:

Phänotypen-Frequenzen in 18 Blutmerkmal-Systemen aus dem Einzugsbereich des Institutes für Rechtsmedizin der Universität Marburg (830 Paternitäts-Gutachten der Jahre 1964 - 1974)

ABO-System (Angaben in Prozent)

	N	A_1	A_2	B	0	A_1B	A_2B	A_1	A_3B
weibl.	830	34,33	7,47	10,84	39,39	6,27	1,21	0,24	0,24
männl.	1 086	38,04	7,55	12,16	37,11	4,24	0,92	0,00	0,00
gesamt	1 916	36,43	7,52	11,59	38,10	5,11	1,04	0,104	0,104

MNSs-System (Angaben in Prozent)

	N	MMss	MMSs	MMSS	MNss	MNSs	MNSS
weibl.	828	10,15	14,49	4,47	25,49	23,32	3,26
männl.	1 065	9,58	13,43	6,95	23,57	24,32	4,04
gesamt	1 893	9,82	13,89	5,86	24,44	23,87	3,70

	NNss	NNSs	NNSS
weibl.	13,53	4,23	1,09
männl.	12,40	5,07	0,66
gesamt	12,89	4,70	0,85

Kell(K)-System (Angaben in Prozent)

	N	K	K-
weibl.	789	11,66	88,33
männl.	825	10,18	89,80
gesamt	1 614	10,91	89,10

P-System (Angaben in Prozent)

	N	P	p
weibl.	300	82,67	17,33
männl.	368	79,09	20,93
gesamt	668	80,69	19,31

Duffy(Fy)-System (Angaben in Prozent)

	N	a+b-	a+b+	a-b+	a-b-
weibl.	657	20,09	45,96	33,18	0,76
männl.	855	19,65	48,31	31,58	0,47
gesamt	1 512	19,84	47,28	32,27	0,595

Kidd(Jk)-System (Angaben in Prozent)

	N	a+b+	a+b-	a-b+	a-b-
weibl.	59	52,54	20,34	27,12	0,0
männl.	72	56,95	18,06	25,01	0,0
gesamt	131	54,95	19,08	25,96	0,0

Rhesus(Rh)-System (Angaben in Prozent)

	weibl. N=826	männl. N=1 070	gesamt N=1 896
ccddee	16,103	16,167	16,140
ccddEe	0,121	0,561	0,369
ccD.ee	1,695	1,122	1,372
ccD.Ee	11,982	11,588	11,762
ccD.EE	1,816	2,336	2,110
Ccddee	1,211	0,841	1,002
CcddEe	0,000	0,093	0,053
CcD.ee	36,080	36,080	36,080
CcD.Ee	12,468	11,215	11,763
CcD.EE	0,121	0,093	0,106
CCddee	0,000	0,000	0,000
CCD.ee	15,133	15,607	15,403

	weibl.	männl.	gesamt
CCD.Ee	0,0	0,0	0,0
C^{w}cddee	0,0	0,0	0,0
C^{w}cD.ee	1,695	1,589	1,635
C^{w}cD.Ee	0,242	0,374	0,317
C^{w}cD.EE	0,0	0,0	0,0
C^{w}.ddee	0,0	0,0	0,0
C^{w}.D.ee	0,0	0,0	0,0
C^{w}.D.Ee	0,0	0,0	0,0
C^{w}CD.ee	1,09	1,869	1,529
CcD^{u}.ee	0,242	0,187	0,211
$C^{w}CD^{u}$.ee	0,0	0,093	0,053
ccD^{u}.Ee	0,0	0,187	0,105

Haptoglobin(Hp)-System
(Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	818	17,9	49,5	32,6
männl.	1 061	15,4	49,9	34,7
gesamt	1 879	16,5	49,7	33,8

Gc-System
(Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	759	51,39	41,51	7,12
männl.	962	53,32	38,05	8,63
gesamt	1 721	52,47	39,56	7,96

Gm-System (Angaben in Prozent)

	N	+1+2	+1-2	-1+2	-1-2
weibl.	772	18,14	31,22	0,39	50,26
männl.	958	17,43	34,65	0,104	47,81
gesamt	1 730	17,75	33,13	0,231	48,91

Inv-System
(Angaben in Prozent)

	N	+1	-1
weibl.	380	17,103	82,89
männl.	500	14,60	85,40
gesamt	880	15,68	84,31

Transferrin(Tf)-System
(Angaben in Prozent)

	N	Tf CC	Tf B_2C
weibl.	122	95,9	4,098
männl.	150	100,0	0,0
gesamt	272	98,15	1,84

System der sauren Erythrozyten-Phosphatase (acP)
(Angaben in Prozent)

weibl.	535	11,40	34,02	0,0	3,74	9,16	41,68
männl.	696	14,51	31,18	0,0	4,74	9,05	40,51
gesamt	1 231	13,16	32,41	0,0	4,31	9,10	41,02

Phosphoglucomutase(PGM_1)-System (Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	391	61,38	31,46	7,16
männl.	519	62,04	33,33	4,624
gesamt	910	61,76	32,53	5,72

Adenylatkinase(AK)-System (Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	218	93,11	6,88	0,0
männl.	283	94,69	5,30	0,0
gesamt	501	94,01	5,99	0,0

Adenosindesaminase(ADA)-System (Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	221	85,07	14,48	0,45
männl.	278	88,86	10,79	0,36
gesamt	499	87,18	12,43	0,40

Glutamat-Pyruvat-Transaminase(GPT)-System (Angaben in Prozent)

	N	1-1	2-1	2-2
weibl.	93	30,11	43,01	26,88
männl.	129	24,01	52,71	23,26
gesamt	222	26,58	48,64	24,77

Pt-System (Angaben in Prozent)

	N	AB	BB	AA	BC
weibl.	117	29,06	65,81	5,13	0,0
männl.	150	33,33	61,33	4,00	1,33
gesamt	267	31,46	63,30	4,50	0,75

LITERATURVERZEICHNIS

1. ABIAD, M.: Blutgruppen und Partnerwahl. Diss. Universität des Saarlandes 1967
2. ADAMEK, H., G. ORTH, H. KNEIPHOFF, V. NAGEL: Die Isoenzympolymorphismen. Saure Erythrozytenphosphatase, Phosphoglucomutase, Adenylatkinase und Adenosindesaminase. Ärztl. Lab. 17,132 (1971)
3. ADDENDUM zu: K. HUMMEL, P. IHM, V. SCHMITD: Biostatistische Abstammungsbegutachtung mit Blutgruppenbefunden. Tabellenband I (172) (nicht veröffentlicht)
4. ALLEN, F. H., L. K. DIAMOND, B. NIEDZIELA: A new blood group antigen. Nature 167,482(1951)
5. ALLMARAS, P.: Die Verteilung der Blutgruppen und Serumgruppen bei Blutkrankheiten und Sarkoidose. Diss. Mainz 1970
6. ANDRESEN, P. H.: Untersuchungen über das Blutgruppensystem P, bestimmt durch ein kräftiges Isoagglutinin. Z. Immun.-Forsch. 100,429 (1941)
7. ANGER, P., K. G. HEIDE, N. PETERSEN: Erythrozytäre Glutamat-Pyruvat-Transaminase (EC 2.6.1.2) - Methode zur Darstellung und Genfrequenzen in Schleswig-Holstein. Humangenetik 22,71 (1974)
8. ARNDT-HANSER, A.: Frequenzen der Phosphoglucomutase. 1. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde. Travemünde 1969
9. ARNDT-HANSER, A.: pers. Mitteil. (1973) nach: RADAM G., H. STRAUCH (281)
10. ARNDT-HANSER,A., H. WALTER: Über den derzeitigen Stand der im Auftrag der Gesellschaft durchgeführten Frequenzsammlung. 4. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde. Trier 1972
11. ARNOLD nach: STEFFAN, P., S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H. 3,114 (1929/30)

12. AUDRAN, R., J. M. FINE, J. MOULLEC, C. MATTE: Les facteurs de groupes sériques Gm(a), Gm(b) et Gm(x) chez 79 sujet atteints de myelom multiple. Rev. franc. Etud. clin. biol. 6,807 (1961)
13. BAITSCH, H., W. JENSSEN: Zur Populationsgenetik des Gc-Systems: Allelenhäufigkeiten in einer Stichprobe bayrischer Blutspender. Anthrop. Anz. 25,185 (1962)
14. BAITSCH, H., K. LIEBRICH: Die Haptoglobintypen. Methodik ihrer Bestimmung; Allelenhäufigkeit in einigen Stichproben. I. Mitteilung. Blut 7,27 (1961), II. Mitteilung. Blut 7,69 (1961)
15. BAITSCH, H., G. MEIER: Zur Verteilung der Haptoglobintypen in Bayern. Blut 5,302 (1959)
16. BAITSCH, H., G. MEIER, L. SCHOELLER, D. M. KAHLICH-KÖNNER: Frequencies of the haptoglobinserum groups among blood donors from Austria and Germany. Nature 186,976 (1960)
17. BAITSCH, H., H. RITTER: Untersuchungen zur Genetik der Serumproteine: Der Gc-Faktor nach HIRSCHFELD und seine Allelenhäufigkeit in Südwest-Deutschland. Blut 9,278 (1963)
18. BAITSCH, H., H. RITTER, H. W. GOEDDE, K. ALTLAND: Zur Genetik der Serumproteine: Hp-Serumgruppen, Gc-Faktoren, Gm-Serumgruppen und Pseudocholinesterase-Varianten in europäischen Populationen. Vox Sang. (Basel) 8,594 (1963)
19. BECKMANN, L., A. HEIKEN, J. HIRSCHFELD: Frequencies of haptoglobin types in Swedish population. Hereditas (Lund) 47,599 (1961)
20. BECKMANN, L., E. O. JOHANNSSON: Haptoglobins and transferrins in the Icelandic population. Acta genet. (Basel) 17,341 (1967)
21. BELSASSO, E., G. VALENTE: Caratteristische immunologiche del fattore P; sua distributione nella populatione di Trieste. Riv. Ist. sieroter. ital. 27,1 (1952) nach MOURANT, A. E. (249)

22. BENDER, K.: Immunglobuline. II. Allotypien des Menschen (Gm, Inv, A_2m, Mn) in: HUMANGENETIK I/3, Hrsg. P. E. BECKER, Thieme, Stuttgart 1975

23. BENERECETTI-SANTAMARIA, A. S., M. BERETTA, S. PAMPIGLIONE: Red cell glutamic-pyruvic transaminase polymorphisms in a sample of the Italian population. A new variant allele: GPT 8. Hum. Hered. 25,276 (1975)

24. BENERECETTI-SANTACHIARA, A., G. MODIANO: The frequencies of haptoglobin and transferrin types in some villages of the Milan province. Acta genet. (Basel) 14,36 (1964)

25. BENKMANN, H.-G., H. W. GOEDDE: Further results of the polymorphism of soluble glutamic-pyruvic transaminase (GPT; EC 2.6.1.2) in a population of Northern Germany. Hum. Hered. 22,283 (1972)

26. BERG, K.: Genetic studies of the adenylate kinase (AK) polymorphism. Hum. Hered. 19,239 (1969)

27. BERG, K., F. SCHWARZFISCHER, H. WISCHERATH: Beitrag zur praktischen Verwertbarkeit der Adenylatkinase (E.C. 2.7.4.3) im Vaterschaftsgutachten. Anthrop. Anz. 34,237 (1974)

28. BERG, K., F. SCHWARZFISCHER, H. WISCHERATH: Adenosindesaminase (E.C. 3.5.4.4) - ein im Gutachten informationsarmes System. Z. Rechtsmed. 75,145 (1974)

29. BERG, K., F. SCHWARZFISCHER, H. WISCHERATH: Zur Verwendbarkeit des Systems PGM im Gutachten. Ärztl. Lab. 21,97 (1975)

30. BERG, K., F. SCHWARZFISCHER, H. WISCHERATH: Beitrag zur Verwendbarkeit des Duffy-Systems im Vaterschaftsgutachten. Anthrop. Anz. 35,114 (1976)

31. BERINGER, M.: Statistische Auswertung von Blut- und Serumgruppenbestimmungen bei Fällen strittiger Abstammung. Diss. Zürich 1967

32. BERNDT, H., H. PIETSCHKE: Magenkrebs und Blutgruppe. Dtsch. Gesundh.-Wes. 21,1864 (1966)

33. BEUING, H., H. CLEVE, H. DEICHER: Immunologische Untersuchungen menschlicher Haptoglobine. Z. Hyg. Infekt.-Kr. 151,291 (1965)
34. BHASIN, M. K., W. FUHRMANN: Geographic and ethnic distribution of some red cell enzymes. Humangenetik 14,204 (1972)
35. BIMBOESE, C.: Genetik der Erythrocyten-Adenosindesaminase (ADA). Genfrequenzen und Familienuntersuchungen. Diss. Frankfurt 1972
36. BINHOLD, H. in S. WELLISCH: Das vorhandene Untersuchungsmaterial im MN-System. 2. Mitteilung. Z. Rassenphysiol. 7,89 (1934)
37. BLAUROCK, G.: Über die agglutinablen Eigenschaften M und N der roten Blutkörperchen. Münch. Med. Wschr. 79,1552 (1932)
38. BLUMENTHAL, G., H. J. PETTENKOFER: Über das neuentdeckte Anti-Duffy^{b} (Fy^{b}). Z. Immun.-Forsch. 109,267 (1952)
39. BÖHMER, K.: Blutgruppen und Verbrechen. (ABO) (Kiel und Schleswig-Holstein) Z. gerichtl. Med. 9,426 (1927)
40. BORNSTEIN, E.: Regionale Unterschiede im ABO-System zwischen verschiedenen oberbayrischen Landkreisen. Diss. München 1961
41. BRANDSTÄTTER, W., W. KEITEL: Über Gm-Agglutinationsseren und Häufigkeit der Eigenschaft Gm(a+) in Magdeburg. Dtsch. Gesundh.-Wes. 17,786 (1962)
42. BREITFELD, S.: Blutgruppe und Carzinoma ventriculi. Diss. Leipzig 1963
43. BRINKMANN, B.: Erythrocytäre Enzympolymorphismen in der forensischen Serologie. Z. Rechtsmedizin 69,83 (1971)
44. BRINKMANN, B., H. H. HOPPE, W. HENNING, E. KOOPS: Red cell enzyme polymorphisms in a Northern German population. Hum. Hered. 21,278 (1971)

45. BRINKMANN, B., P. KRUKENBERG, M. BRINKMANN: Gene frequencies of soluble glutamic-pyruvic-transaminase in a Northern German population (Hamburg). Humangenetik 16,355 (1972)
46. BRINKMANN, B., K. REICH: Saure Erythrozytenphosphatase. Ärztl. Lab. 13,346 (1967)
47. BRINKMANN, B., J. REITER, O. KRÜGER: Genhäufigkeit einiger Enzympolymorphismen in Mittelmeerländern. Humangenetik 20,141 (1973)
48. BROMAN, P. , R. GRUNDIN, P. E. LINS: The red cell acid phosphatase polymorphism in Sweden. Acta genet. med. Gemell. 20,77 (1971)
49. BROMAN, P. ,A. HEIKEN, J. HIRSCHFELD: Gm(a) frequencies in Sweden. Acta genet. (Basel) 13,132 (1963)
50. BUDDE, I. in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd.2,H 3,114 (1929/30)
51. BUNDSCHUH, G., H. FALK: Die Wahrscheinlichkeitswerte nach ESSEN-MÖLLER für die Haptoglobinmerkmale mit weiteren Frequenzangaben. Blut 6,363 (1960)
52. BUNDSCHUH, G.,G. GESERICK, M. ROSE: Die Verteilung der humanen Transferrinvarianten im Raum Berlin. Folia haemat. (Leipzig) 90,422 (1968)
53. BUNDSCHUH,G.,Z. MAREK, G. GESERICK: Untersuchungen über die Anwendbarkeit menschlicher Gc-Komponente in der forensischen Serologie. Ärztl. Lab. 9,181 (1963)
54. BURGERS in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd.2, H 3,114 (1929/30)
55. BÜTLER, R. nach A. ARNDT-HANSER: Frequenzen der Phosphoglucomutase. 1. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Travemünde 1969
56. BÜTLER, R., A. HÄSSIG, M. HESS, S. ROSIN: Über die Verwendung der Gammaglobulin-Gruppen Gm(a), Gm(b) und Gm(x) zur Klärung strittiger Abstammungsfragen. Schweiz. med. Wschr. 92,1065 (1962)

57. BÜTLER, R., M. METAXAS-BÜHLER, S. ROSIN, R. WANDREY: Untersuchungen über die Haptoglobingruppen von SMITHIES. Schweiz. med. Wschr. 89,1041 (1959)

58. CAZAL, P., R. GRAAFLAND, M. MATHIEU: Les groupes sanguins chez le Gitans de France. 4th Int. Congr.Blood Transfus., Lisbon 356 (1951)

59. CAZAL, P., M. MATHIEU: Recherches sur les groupes sanguins du système PQ. Sang. 21,717 (1950)

60. CHEN, S.-H., E.R. GIBLETT: Polymorphism of soluble glutamic-pyruvic transaminase: A new genetic marker in man. Science 173,148 (1971)

61. CHIODI, V.: Ricerche sulla distribuzione della proprietá gruppo-specifica P nella Provincia di Firenze. Rass. Biol. Umana, 3,31 (1948)

62. CHRISTIANSEN, W.: Die Verteilung der Blutgruppen und der Faktoren MN in Sachsen. Z. Rassenphysiol. 7,114 (1935)

63. CLEVE, H.: Die Verteilung der Haptoglobin-Untergruppen in einer Stichprobe gesunder Blutspender aus Hessen. Humangenetik 2,115 (1966)

64. CLEVE, H.: Die Verteilung der Gc-Typen und Gc-Allele bei Kranken mit Diabetes mellitus und chronischer Polyarthritis. Hum. Genet. 2,355 (1966)

65. CROME, W.: Über die Untersuchungstechnik der Blutgruppeneigenschaften M und N und Mitteilung weiterer Untersuchungsergebnisse. Dtsch. Z. gerichtl. Med. 21,435 (1933)

66. DAHR, P.: Über die bisher im Kölner Hygienischen Institut gewonnenen Untersuchungsergebnisse über das Blutmerkmal P. Z. Immun.-Forsch. 101,346 (1942)

67. DAHR, P., G. ZEHNER: Die bisherigen Erblichkeitsuntersuchungen über den Blutfaktor P und die Verwendung der P-Bestimmung in Vaterschaftsprozessen. Dtsch. med. Wschr. 67,71 (1941)

68. DEICHER, H.: Frequenz von Gm-Gruppen in Westdeutschland. Klin. Wschr. 40,655 (1962)
69. DEICHER, H., G. G. WENDT, U. THEILE, G. KIRCHBERG: Familienuntersuchungen über die Gamma-Globulin-Gruppen Gm(a), Gm(b), Gm(x) und Gm(r). Acta genet. (Basel) 13,124 (1963)
70. DISSING, J., J. B. KNUDSEN: Human erythrocyte adenosine desaminase polymorphism in Denmark. Hum. Hered. 20,178 (1970)
71. DITTES, O., K. G. HEIDE, M. JAINZ: Bestimmung der Genotypenfrequenzen im MNS-System in Schleswig-Holstein nach der Maximum-Likelihood-Methode. Z. Rechtsmedizin 73,123 (1973)
72. Documenta Geigy. Wissenschaftliche Tabellen. Hrsg. J. R. Geigy A. G. Basel. Pharmazeutische Abteilung. Basel 1960. 6. Auflage
73. DU CHESNE, A., I. RITTER, R. LEHMANN, D. SCHRÖPFER, A. BOHM, B. SCHIFFMANN, T. KRAUSE: Beitrag zur Populations- und Formalgenetik der Isoenzympolymorphismen saure Erythrozytenphosphatase (SEP), Phosphoglucomutase (PGM), Adenylatkinase (AK), Adenosindesaminase (ADA) und Glutamat-Pyruvat-Transaminase (GPT). Krim. u. forens. Wiss. H. 17,171 (1974)
74. DÜRWALD, W., W. GÖHLER: Die Vererbung der erblichen Blutgruppen- und Serumeigenschaften in Mecklenburg. Wiss. Zschr. d. Univ. Rostock 11,209 (1962)
75. DÜRWALD, W., W. GÖHLER, O. PROKOP: unveröffentlicht nach PROKOP und UHLENBRUCK (274)
76. DÜRWALD, W., H. HUNGER: Populationsgenetische und formalgenetische Untersuchungen zum Polymorphismus der sauren Erythrozytenphosphatase. Dtsch. Gesundh.-Wes. 22,2368 (1967)
77. DRÄGEMÖLLER, P.: Die Bedeutung der Blutgruppen in der gerichtlichen Praxis nebst Mitteilung von Untersuchungsergebnissen der Jahre 1938 - 1941 im gerichtsmedizinischen Institut zu Münster. Diss. Münster 1948

78. ELTEN, H.: Die Verteilung der Blutgruppensysteme ABO, MN, Rh, Kell, Duffy-a und P in Vaterschaftsgutachten der Jahre 1951 - 1957, Ausschlüsse und theoretisch ableitbare Ausschlüsse im Untersuchungsbereich des Institutes für soziale und gerichtliche Medizin der Universität Würzburg. Diss. Würzburg 1960

79. ESSEN-MÖLLER, E.: Die Beweiskraft der Ähnlichkeit im Vaterschaftsnachweis; theoretische Grundlagen. Mitt. Anthrop. Ges. (Wien) 68,368 (1938)

80. FALK, H., O. PROKOP: Die bisherigen Familienuntersuchungen des Berliner Instituts bezüglich der Haptoglobintypen mit weiteren noch unveröffentlichten Familiendaten. Z. ärztl. Fortbild. 55,844 (1961)

81. FIEDLER, H.: Das Isoenzymsystem der sauren Erythrozytenphosphatase und seine Verwendung in der forensischen Vaterschaftsbegutachtung. Ärztl. Lab. 13,507 (1967)

82. FIEDLER, H., H. H. HOPPE, H. J. PETTENKOFER: Ein neuer Weg zum positiven Vaterschaftsbeweis über die statistische Auswertung serologischer Befunde. Bundesgesundheitsblatt Heft 9/10,129 (1968)

83. FIEDLER, H., H. J. PETTENKOFER: Ein "neuer" Phänotyp im Isoenzymsystem der Phosphoglucomutase des Menschen ($PGM_1 0$). Blut 18,33 (1968)

84. FILDES, A. M., H. HARRIS: Genetically determined variation of adenylate kinase in man. Nature 209,261 (1966)

85. FISCHER, W.: Beitrag zur Vererbung der Blutgruppen, Untergruppen und Blutkörperchenmerkmale (Bericht über die gerichtlichen Blutgruppenbestimmungen, die in den Jahren 1938 und 1939 von den ermächtigten Blutgruppensachverständigen durchgeführt wurden.) Veröff. auf d. Geb. d. Volksgesundheitsdienstes 56,173 (1942)

86. FLEISCHER, E. A., J. LUNDEVALL: Inheritance of serum groups. Europ. Soc. haematol. Congr. Proc. 2,906 (1958)

87. FLEISCHER, E. A., J. MOHR: Concerning the genetics of the human haptoglobins. Acta genet. (Basel) 12,281 (1962)

88. FRASER, G. R., P. GRÜNWALD, F. D. KITCHIN, A. G. STEINBERG: Serum polymorphism in Yugoslavia. Hum. Hered. 19,57 (1969)

89. FRITZ, H., A. SIMON: Über die Haptoglobinfrequenzen im Raum Halle an der Saale. Dtsch. Gesundh.-Wes. 15,1977 (1960)

90. FÜNFHAUSEN, G.: Die Gm(a)-Frequenzen in Berlin mit Angaben über die Häufigkeit geeigneter Anti-Rh-Seren und sogenannter präzipitierender Seren. Blut 7,331 (1961)

91. FÜNFHAUSEN, G.: Die Gm^a-Frequenz in Berlin mit Hinweisen für die Untersuchungstechnik. Vortrag Int. Akad. für gerichtl. Med., Wien (1961) nach: HERBICH, J.: Verteilung der Merkmale Gm(a) und Gm(x) des Gammaglobulinsystems Gm in der Bevölkerung von Wien und Umgebung; Anwendbarkeit und Beweiswert dieses Systems in Paternitätsfällen. Wien. klin. Wschr. 47,859 (1962)

92. GAGLIARDIE, C., M. MACCHIA: Ricerca sulla frequenza dell' antigene Kell nella provincia di Firenze. Transfus. sangue 13,215 (1968)

93. GALATIUS-JENSEN, F.: On the genetics of the haptoglobins. Acta genet. (Basel) 8,232 (1958)

94. GÄRISCH, F. nach: THIELER, H., H. SCHMECHEL, F. GÄRISCH: ABO-Blutgruppenverteilung bei Hepatitis infektiosa. Z. ges. inn. Med. 21,365 (1966)

95. GEDICKE, K. H., H. H. WELLHÖRNER: Beitrag zur Frage der Korrelation zwischen ABO-Blutgruppensystemen, Magenkarzinom und Magenulcus. Zbl. Chir.86,652 (1961)

96. GIBITZ, H.: Bedeutung und Frequenz der Haptoglobine. Wien. klin. Wschr. 74,641 (1962)
97. GIBLETT, E.: Genetic markers in human blood. Blackwell, Scientific Publications Oxford-Edinbourgh(1969)
98. GIORDA, R.: Prime osservazioni sulla distribuzione in Italia deglia antigeni del sistema Kidd. Ricerche sulla populazione residente nel Lazio. Acta genet. med. (Roma) 10,241 (1961)
99. GOEDDE, H. W., H. G. BENKMANN, J. CHRIST, S. SINGH, L. HIRTH: Gene frequencies of red cell adenosine desaminase, adenylate kinase, phosphoglucomutase, acid phosphatase and serum α_1-antitrypsin (Pi) in a German population. Humangenetik 10,235 (1970)
100. GOEDDE, H. W., H. RITTER, U. CALLSEN, H. FLOCK: Untersuchungen zum Polymorphismus der sauren Erythrozytenphosphatasen (E.C. 3.1.3.2). Humangenetik 3,113 (1966)
101. GOEDDE, H. W., U. WEYRAUCH: persönliche Mitteilung an H. CLEVE (63)
102. GÖHLER, W.: Zur Verteilung und Vererbung der Faktoren Gm(b) und Gm(f) bei der weißen Rasse. Dtsch. Gesundh.-Wes. 22,2365 (1967)
103. GÖHLER, W., W. DÜRWALD, H. HUNGER: Gm-Frequenzen und Verwertbarkeit des Gm-Systems in Paternitätsgutachten. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 53,122 (1962)
104. GÖHLER, W., I. GÖHLER: Haptoglobinbestimmung bei Krankheiten unter besonderer Berücksichtigung von Nerven- und Geisteskrankheiten. Acta med. Leg. soc. 16,73 (1963)
105. GOLDSCHMIDT, E.: Variation in the ABO blood group distribution in Denmark. Acta genet. (Basel) 11,85 (1961)
106. GROSJEAN, R.: Repartition de la propriété P dans la population belge. Sang. 23,490 (1952)

107. GRUBB, R., A.B. LAURELL: Hereditary serological human serum groups. Acta path. microbiol. scand. 39,390 (1956)

108. GRUBB, R.: The genetic markers of human immunglobulins. In: Molecular Biology Biochemistry and Biophysics, Bd. 9, Springer, Heidelberg (1970)

109. GRÜNWALD, P., C. HERMAN: Study of several gene frequencies in Yugoslav population. Nature 199,830 (1964)

110. GRZESCHIK, K.-H.: Methoden zur Genkartierung des Menschen. Ärztl. Lab. 23,269 (1977)

111. GUNDEL, N.: Rassenbiologische Untersuchungen an der schleswig-holsteinischen Bevölkerung unter Anwendung der Blutgruppenbestimmung. Z. Immun.-Forsch. 59,156 (1928)

112. GÜRTLER, H., K. HENNINGSEN: Rh-chromosome frequencies in the Danish population. Acta path. microbiol. scand. 34,493 (1954)

113. GUSSMANN, S.: Zur Verwendbarkeit des Polymorphismus der sauren Phosphatase der Erythrozyten (E.C. 3. 1.3.2) im erbbiologischen Gutachten. Anthrop. Anz. 32,12 (1970)

114. GUSSMANN, S., K. RAMES: Die Darstellung der Polymorphismen der Glutamat-Pyruvat-Transaminase (GPT, E.C. 2.6.1.2) und Phosphoglucomutase (PGM_1, E.C. 2.7.5.1) mittels horizontaler Stärkeelektrophorese in einem Arbeitsgang. Z. Rechtsmedizin 70,148 (1972)

115. GUSSMANN, S., F. SCHWARZFISCHER: Rare GPT-phenotypes in a random sample of Southern Germany: Evidence for a third allele. Z. Rechtsmedizin 70,251 (1972)

116. GUTHOF, O.: Unveröffentlicht nach W. HELMBOLD (143)

117. HAHN, I.: Blutgruppen und Blutfaktoren bei Kölner Studenten und gerichtlichen Vaterschaftsausschlüssen. Diss. Köln 1948

118. HALLE, G., A. HÄSSIG, S. ROSIN: Über die Bildung von Begleitantikörpern gegen das Blutgruppenantigen Jk^a im Verlaufe einer Rhesusimmunisierung. Klin. Wschr. 33,495 (1955)

119. HALLERMANN, W., R. MALTZAN, V. SACHS: Die Häufigkeit der Serumgruppe Gm(a+) in Schleswig-Holstein. Z. Immun.-Forsch. 123,245 (1962)

120. HALLERMANN, W., K. H. STÜRNER: Die Verteilung der Gc(Postalbumin)-Typen in Schleswig-Holstein. Blut 9,185 (1963)

121. HANSSON, L. R.: Phosphoglucomutase phenotypes in a south Swedish population. Hereditas 68,159 (1971)

122. HARBOE, M., J. LUNDEVALL: The application of the Gm-system in paterny cases. Vox Sang. (Basel) 6,257 (1961)

123. HARRIS, H., E. B. ROBSON, M. SINISCALCO: Genetics of the plasma protein variants. Biochemistry of human genetics. CIBA FOUNDATION Symposium S. 151 (1959)

124. HASELHORST, G. in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 3, H 3/4,187 (1930/31)

125. HASELOFF, O. W., H.-J. HOFFMANN: Kleines Lehrbuch der Statistik. de Gruyter, Berlin (1968)

126. HÄSSIG, A.: La répartition des génotypes rhesus en Suisse. Arch. suisses Anthrop. gén. 17,66 (1952)

127. HATZKY, K.: Untersuchungen über Blutgruppenverteilungen bei Poliomyelitikern. Münch. med. Wschr. 80,1973 (1933)

128. HAUG, H., D. WOLFFS, K. GRAF von SCHÖNBORN, G. GATHOF, I. HÄNDEL, H. ROWECK: Der Phosphoglucomutase-Isoenzympolymorphismus in der unterfränkischen Bevölkerung (E.C.2.7.5.1). Z. Rechtsmedizin 73,309 (1973)

129. HEIDE, H. M.VAN DER: An analysis of blood grouping data collected in Indonesia and in the Netherlands. Royal Tropical Institute, Amsterdam (1963) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

130. HEIDE, H. M. VAN DER, J.J.VAN LOGHEM: Répartition des groupes sanguins en Hollande. 4th Int. Congr. Blood Transfus., Lissabon, S. 383 (1951) nach: MOURANT, A. E. (249)

131. HEIDE, K.: Gruppenspezifische Blutproteine. Behringwerk-Mitteilungen 38,164 (1960)

132. HEIDE, K. G., N. PETERSEN: Daten zur Populationsgenetik der Adenosin-Desaminase (E.C. 3.5.4.4) aus Schleswig-Holstein. Hum. Genet. 18,353 (1973)

133. HEIDE, K. G., E. STEIGLEDER: Merkmalsverteilung von SEPh, Inv, Gm(1), Gm(2), Hp und Gc in Schleswig-Holstein unter besonderer Berücksichtigung der Häufigkeitsverteilung in verschiedenen Landschaftsräumen. Beitr. Gerichtl. Med. 27,292 (1970)

134. HEIFER, U.: Die Gm^a-Frequenz im nördlichen Rheinland. Z. Hyg. Infekt.-Kr. 149,71 (1963)

135. HEIFER, U.: Untersuchungen über die gruppenspezifischen Komponenten (Gc) von HIRSCHFELD. Münch. med. Wschr. 103,108 (1964)

136. HEIFER, U.: Untersuchungen über das Haptoglobin und Methämalbumin in Blut, Blutspuren und Sperma mittels Stärkegel-Elektrophorese. Blut 10,113 (1964)

137. HEIFER, U.: Zur Technik der Gc-Bestimmung. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 57,214 (1966)

138. HEIKEN, A.: Distribution of the Kell blood group factor K in the Swedish population. Acta genet. (Basel) 12,352 (1962)

139. HEISTO, H.: The frequency of the Kell antigen in the population of Oslo. Acta path. microbiol. scand. 33,433 (1953)

140. HELLENBROICH, H., G. PULVERER: Genfrequenzen der Erythrocyten-Adenosindesaminase in der Kölner Bevölkerung. Z. Immun.-Forsch. 142,297 (1971)

141. HELLENBROICH, H., G. PULVERER: Erythrocytäre Adenylatkinase-Varianten im Kölner Raum. Ärztl. Lab. 17,265 (1971)

142. HELLENBROICH, H., B. G. POTRAFKI, G. PULVERER: Zum Polymorphismus der Glutamat-Pyruvat-Transaminase (GPT) menschlicher Erythrocyten in Westdeutschland. Humangenetik 16,351 (1972)
143. HELMBOLD, W.: Sammelstatistik zur Prüfung auf Korrelationen zwischen dem weiblichen Genitalkarzinom und dem ABO- und Rhesus-System. Acta genet. (Basel) 11,29 (1961)
144. HELMBOLD, W., O. PROKOP: Die Bestimmung der ABO-Genfrequenzen. Blut 4,190 (1958)
145. HENKING-LUBBE, F.: Zur Bedeutung der Blutgruppen-und Faktorenbestimmung in Vaterschaftsprozessen (anhand von 310 Akten). Diss. Göttingen 1941
146. HENNING, W., H. H. HOPPE: Häufigkeitsverteilung und Mutter-Kind-Kombinationen bei den Hp-, Gm- und Gc-Serumgruppen am Hamburger Material und ihre Brauchbarkeit im Blutgruppengutachten. Blut 10,361 (1964)
147. HENNINGSEN, K.: Investigations on the blood factor P. Acta path. microbiol. scand. 26,639 (1949)
148. HENNINGSEN, K.: Om Blodtypesystemet P. M.D. Thesis, Copenhagen(1952)
149. HERBICH, J.: Häufigkeit der Gc-Gruppen in der Bevölkerung von Wien und Umgebung. Brauchbarkeit dieses Systems in der forensischen Serologie. Wien. klin. Wschr. 75,803 (1963)
150. HERBICH, J., D. M. KAHLICH: Verteilung der sauren Erythrocytenphosphatase in der Bevölkerung von Wien und Umgebung. Wien. klin. Wschr. 80,452 (1968)
151. HERBICH, J., F. PESENDORFER: Anwendung des Enzymsystems der Erythrozytenphosphatase bei der Vaterschaftsbegutachtung. Wien. klin. Wschr. 81,661 (1969)
152. HERMANNS, L., J. KRONBERG: Blutgruppe und Krankheitsdisposition. Münch. med. Wschr. 74,967 (1927)

153. HERZOG, P., J. BOHATOVA: Zur Populationsgenetik der sauren Phosphatase der Erythrozyten (E.C. 3.1.3.1): Phänotypen- und Allelenhäufigkeit in der CSSR. Hum.Genet. 7,183 (1969)

154. HERZOG, P., J. BOHATOVA, L. BLOCHOVA: Serum proteins with an affinity for haemoglobin. Haptoglobin types of the population of Prague. Folia biol. (Praha) 9,265 (1963) nach: MOURANT, A. E. et al.(250)

155. HERZOG, P., A. DRDOVA: Variation of phosphoglucomutase in blood donors. Bratisl. Lék. Listy 54,21 (1970) nach: SØRENSEN, S. A. (361)

156. HERZOG, P., H. HUNGER: Frequenz- und Familienuntersuchungen über die Verteilung des Faktors InV(a) in der tschechischen und mitteldeutschen Bevölkerung. Z. menschl. Vererb.- u. Konstit.-Lehre 37,626 (1964)

157. HERZOG, P., O. VOJTISEK: Gm(a+)-Seren in der Prager Bevölkerung. Blut 7,148 (1961)

158. HESS, M., R. BÜTLER: Untersuchungen über die Gc-Gruppen von HIRSCHFELD. Schweiz. med. Wschr. 92,1351 (1962)

159. HESS, M., R. BÜTLER, S. ROSIN: Gm-Gruppen bei 500 Berner Blutspendern. Vox Sang. (Basel) 6,366 (1961)

160. HIRSCHFELD, J.: Immuno-electrophoretic demonstration of qualitative differences in human sera and their relation to the haptoglobins. Acta path. microbiol. scand. 47,160 (1959)

161. HIRSCHFELD, J.: The Gc-System. Progr. Allergy 6,155 (1962)

162. HIRSZFELD, L.: Probleme der Blutgruppenforschung. Fischer, Jena 1960

163. HOLLÄNDER, L.: Über die Blutgruppe Duffy und ihre Verteilung in Basel. Acta haemat. 6,257 (1951)

164. HOLZHAUSEN, G., W. DÜRWALD, H. HUNGER: Untersuchungen zum Gc-System. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 55,307 (1964)

165. HOPKINSON, D. A., N. SPENCER, H. HARRIS: Red cell acid phosphatase variants: A new human polymorphism. Nature 199,969 (1963)

166. HOPPE, H. H.: Die Häufigkeitsverteilung der Blutgruppensysteme ABO, MN, Rh, P und K in Hamburg. Blut 3,1 (1957)

167. HORNUNG, H.: Über die Beziehung der Blutgruppen zu rassischen Merkmalen. Münch. med. Wschr. 87,125 (1940)

168. HOROWICZ, Z.: Untersuchungen zur Häufigkeit des Antigens Jk^a in Oberbayern. Diss. München 1961

169. HORSFALL, W. R., O. SMITHIES: Genetic control of some β-globulins. Science 128,35 (1958)

170. HUMMEL, K., P. IHM: Tabellenwerk zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit im serologischen Gutachten. In: HUMMEL, K.: Die medizinische Vaterschaftsbegutachtung mit biostatistischem Beweis. Fischer, Stuttgart 1961

171. HUMMEL, K., P. IHM, V. SCHMIDT: Biostatistik der Abstammungsbegutachtung mit Blutgruppenbefunden. Fischer, Stuttgart 1970

172. HUMMEL, K., P. IHM, V. SCHMIDT: Biostatistische Abstammungsbegutachtung mit Blutgruppenbefunden. Tabellenband I. Fischer, Stuttgart 1971

173. HUMMEL, K., G. PULVERER, K. P. SCHAAL, V. WEIDTMANN: Häufigkeit der Sichttypen in den Erbsystemen Haptoglobin, Gc, saure Erythrozytenphosphatase, Phosphoglucomutase und Adenylatkinase sowie den Erbeigenschaften Gm(1), Gm(2) und Inv(1) bei Deutschen (aus dem Raum Freiburg i. Br. und Köln) und bei Türken. Humangenetik 8,330 (1970)

174. HUNGER, H., W. GÖHLER, W. DÜRWALD: Familienuntersuchungen im Gm-System. Vox Sang. (Basel) 8,86 (1963)

175. HUNGER, H., E. MARKERT: Untersuchungen über die Gm(a)-Frequenz im Raum Leipzig. Dtsch. Gesundh.-Wes. 16,1253 (1961)

176. HÜTER, Ch.: Positiver Vaterschaftsnachweis und Blutgruppengutachten. Diss. Mainz 1963

177. IHM, P., G. G. WENDT: Statistische Betrachtungen über die Häufigkeit der Haptoglobin-Typen bei verschiedenen Krankheiten. Humangenetik 2,186 (1966)

178. JENSSEN, W.: Untersuchungen zur Genetik der gruppenspezifischen Komponente. Diss. München 1962

179. JOÓ-SZABADOS, T.: The frequency of Fy^a and Fy^b antigens in the population of Budapest. Hum. Hered. 20,436 (1970)

180. JÖRGENSEN, G.: The ABO blood group polymorphism in the multifactorial genetic system. Humangenetik 3,264 (1967)

181. JÖRGENSEN, G., P. GABRIEL: Über die Verteilung der Gc-Typen in Südniedersachsen nebst Literaturübersicht über die Allelenhäufigkeit im deutschen Sprachgebiet. Humangenetik 1,602 (1965)

182. JÖRGENSEN, G., V. B. LAL: Serogenetic investigations on malignant melanoms with reference to the incidence of ABO system, Rh system, Gm, Inv, Hp and Gc systems. Humangenetik 15,227 (1972)

183. JÖRGENSEN, G., H. RITTER, F. VOGEL: Gc-Polymorphismus ("gruppenspezifische Komponente"). In: BECKER, P.: Humangenetik Bd. I/3, Thieme, Stuttgart (1975)

184. JÖRGENSEN, G., V. RÜBBERDT : Die Verteilung der Haptoglobin-Phänotypen und Haptoglobin-Allele bei der Lungentuberkulose. Humangenetik 6,340 (1968)

185. JUNGMICHEL, G.: Der Blutfaktor P. Dtsch. Z. gerichtl. Med. 36,259 (1942)

186. JUNGWIRTH, J.: Über die Verwendung des Kell-Blutgruppensystems in Paternitätsprozessen. Blut 1,57 (1955)

187. KAHLICH-KÖNNER, D.: Haptoglobintypen beim Neugeborenen. Wien. klin Wschr. 72,674 (1960)

188. KANZOW, U., P. ULBRICH: Die gruppenspezifischen Komponenten (Gc) in paraproteinischen Seren. Klin. Wschr. 43,1237 (1965)

189. KELUS, A., S.DUBISKI, R. SZUZKOWSKI: Badania seroantropologiczne w Polsce. Pol. med. Wkly. 7,1763 (1952) nach: MOURANT, A. E. (249)

190. KELUS, A., S. DUBISKI, R. SZUZKOWSKI: Studies in the blood group frequencies of the population of Poland. Wroclaw, Pol.Anthrop.Soc. 2,54 (1953) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

191. KHERUMIAN, R., C. ROPARTZ, J. MOULLEC: Repartition des groupes sanguins ABO dans le département de la Seine-Maritime. Rev. Hémat. 14,418 (1959) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

192. KIRK, R. L.: Monographs in human genetics. Bd. IV. The haptoglobin group in man. Karger, Basel 1968

193. KLEIN, H., F. KNÜCHEL: Papierelektrophoretische Bestimmung der Haptoglobingruppen des Menschen. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 50,278 (1960)

194. KLEIN, W., H. OSTHOFF in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H 3,114 (1929/30)

195. KLOSE, I.: Untersuchungen zur Populationsgenetik der gruppenspezifischen Komponente (Gc) in Südbayern. Diss. München 1962

196. KLUGE, A., E. KRAH: Serum-Eiweiß-Gruppe Gm(a); Frequenzuntersuchungen an 1100 Seren aus dem Raum Heidelberg. Klin. Wschr. 40,57 (1962)

197. KNEDEL, M., A. FATEH-MOGHADAM, R. LAMMERZ, Ch. MAISS: Das Serumgruppen-System Gc, Gm und InV bei Paraproteinämien. Klin. Wschr. 49,332 (1971)

198. KNEIPHOFF, H., V. NAGEL: Bestimmungen der Phosphoglucomutase. Ärztl. Lab. 16,354 (1970)

199. KOBIELA, J.: Kurze Mitteilung über Haptoglobinuntersuchungen und Blutgruppenbestimmungen in Vaterschaftsfragen. Vortrag Symposium: Erbliche Blut- und Serumeigenschaften. Berlin 1960 nach: PROKOP, O., G. BUNDSCHUH: Die Technik und die Bedeutung der Haptoglobine und Gm-Gruppen in Klinik und Gerichtsmedizin. de Gruyter, Berlin 1963

200. KOBIELA, J., Z. MAREK, B. TUROWSKA: The Gc serum groups in populations of Cracow (Poland). Vox Sang. (Basel) 9,634 (1964)

201. KÖMPF, J.: Population genetics of soluble glutamic-pyruvic transaminase (E.C. 2.6.1.2). Gene frequencies in Southwestern Germany. Humangenetik 14,76 (1971)

202. KORINEK, J., M. KOUT: Beitrag zum Nachweis der Gc-gruppenspezifischen Komponente in menschlichen Seren. Z. Immun.-Forsch. 125,191 (1963)

203. KORNSTAD, L., K. HALVORSEN, E.JUEL, O. WEISERT, H. ØRJASAETER, P. ØSTGARD: The frequency of the blood group antigen K in the Norwegian population. Acta genet. (Basel) 16,231 (1966)

204. KOUT, M.: Bestimmung der Blutgruppen A_1, A_2, B, O, MNS, P, Rh/Hr, Kell und Duffy in der Prager Bevölkerung. Blut 5,205 (1959)

205. KRAULAND, W. nach: ARNDT-HANSER, A.: Frequenzen der Phosphoglucomutase. 1. Tag. Ges. forens. Blutgruppenkunde, Travemünde 1969 (8)

206. KREIL, R.: Besteht eine Abhängigkeit viröser Erkrankungen (Poliomyelitis) vom ABO- und Rh-System? Folia haemat. (Leipzig) 85,132 (1966) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

207. KRÜGER, J., W. FUHRMANN, K.-H. LICHTE, C. STEFFENS: Zur Verwendung des Polymorphismus der sauren

Erythrozytenphosphatase bei der Vaterschaftsbegutachtung. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 64,127 (1968)

208. KRUSE, W. in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 1, H 3/4,154 (1928/29)

209. KURZ, G., H. RITTER: Zur formalen Genetik der Transferrine. Z. Rechtsmedizin 71,91 (1972)

210. LACOMME, M., T. BOREAU, C. SALMON: Un cas d'isoimmunisation maternelle anti-K. Rev. Hémat. 7,381 (1952) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

211. LAL, V. B., P. SPEISER: Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen erworbenen hämolytischen Anämien, klassischen Blutgruppen, Rhesusfaktoren, Geschlecht und Alter. Blut 3,15 (1957)

212. LAMM, L. U.: Red cell phosphoglucomutase and acid phosphatase types among Danish blood donors. Acta genet. (Basel) 18,386 (1968)

213. LAMM, L. U.: Family studies of red cell acid phosphatase types. Report of a family with the D variant. Hum. Hered. 20,329 (1970)

214. LAMM, L. U.: Family, population and mother-child studies of two phosphoglucomutase loci (PGM_1 and PGM_3). Hum. Hered. 20,292 (1970)

215. LAMM, L. U.: A study of red cell deaminase (ADA) types in 116 Danish families. Hum. Hered. 21,63 (1971)

216. LAMM, L. U.: A study of red cell adenylate kinase (AK) types in 115 Danish families. Hum. Hered. 21,83 (1971)

217. LANGE, V.: Zur Methodik der Zonenelektrophorese in Stärkegel. Zugleich eine Mitteilung über die Verteilung der Haptoglobintypen in Frankfurt am Main. Biochem. Z. 333,503 (1961)

218. LANGE, V.: Die Bedeutung der Stärke-Gel-Hochspannungselektrophorese für die humangenetische Serumanalyse. Anthrop. Anz. 28,181 (1966)

219. LAUBENHEIMER, A. in S. WELLISCH: Das vorhandene Untersuchungsmaterial im MN-System. 2. Mitteilung. Z. Rassenphysiol. 7,89 (1934/35)

220. LAUER, A. in S. WELLISCH: Das vorhandene Untersuchungsmaterial im MN-System. Z. Rassenphysiol. 7,89 (1934/35)

221. LEFEVRE, H., R. NIEBUHR: Polymorphismus der Adenosindesaminase. Untersuchungen an einer Stichprobe aus der Berliner Bevölkerung. Humangenetik 10,88 (1970)

222. LEGRAIN, F. A.: Über die Häufigkeitsverteilung der Blutgruppen in der Schweiz. Acta genet. (Basel) 10,89 (1960)

223. LEGUEBE, A.: Frequence des divers allèles des systèmes sanguins ABO, MNS et Rhesus dans la population belge. Bull. Soc. R. belge Anthrop. 76,29 (1966) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

224. LENDERINK VAN ITALLIE, M. J., F. PEETOOM, L. E. NIJENHUIS: The distribution of Gc-types in the Netherlands. Vox Sang. (Basel) 10,349 (1965)

225. LIE, H., P. TEISBERG: Red cell acid phosphatase polymorphism in Norway. Hum. Hered. 23,257 (1973)

226. LINNET-JEPSEN, P., G. GALATIUS-JENSEN, M. HAUGE: On the inheritance of the Gm serum group. Acta genet. (Basel) 8,164 (1958)

227. LOGHEM, J. J. VAN, A. M. BERKHOUT: De verdeling der bloedgroepen ABO, MN, P en Rhesusfaktoren bij de Nederlandse bevolking. Ned. Tijdsch. Geneesk. 92,1152 (1948)

228. LÖLE in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H 3,114 (1929/30)

229. LOPEZ, V., R. BÜTLER: The Inv groups in Switzerland. With remarks on the methods of detection. Vox Sang. (Basel) 10,314 (1965)

230. LUDWIG, G.: Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen Blutgruppen und Krankheiten. Diss. Greifswald 1964

231. LUNDEVALL, J.: Blood factor P in Western Norway. Acta path. microbiol. scand. 27,340 (1950)

232. LUNDEVALL, J.: The Kidd blood group system. Acta path. microbiol. scand. 38,39 (1956)

233. LÜTZELER, H.: Über den gegenwärtigen Stand und die Bedeutung der Lehre von den Blutgruppen, nebst Mitteilungen über eigene Untersuchungen. Arch. Gyn. 131,171 (1927) nach: SCHWARZFISCHER, F. (341)

234. LÜTZELER, H., E. A. DORMANNS in: Tabulae Biologicae: Blood Groups. D. Junk, Den Haag (1939)

235. MAISS, Ch.: Serumgruppensysteme: Gc, Gm, InV bei Paraproteinämien. Diss. München 1971

236. MANSA, B.: Immunoelectrophoretic analysis of the Gc-types in human sera. Acta path. microbiol. scand. 55,250 (1962)

237. MAREK, Z., G. BUNDSCHUH, C. KERDE, G. GESERICK: Untersuchungen über die Anwendbarkeit der menschlichen Gc-Komponente in der forensischen Serologie. Ärztl. Lab. 9,228 (1963)

238. MARTIN, W., R. NIEBUHR: Polymorphismus der menschlichen Erythrozyten-Glutamat-Pyruvat-Tansaminase. Untersuchungen an einer Stichprobe aus der Berliner Bevölkerung. Humangenetik 19,203 (1973)

239. MAUFF, G., E. DOPPELFELD, W. WEBER: Die Bedeutung und Zuordnung von Transferrin-Varianten in der Abstammungsbegutachtung. Z. Immun.-Forsch. 150,60 (1975)

240. MAYR, W. R., V. PAUSCH: Die Adenylatkinasegruppen. Verteilung in Wien und die Anwendung in der Paternitätsserologie. Ärztl. Lab. 16,53 (1970)

241. MAYSER, H.: Neue Schlüsse aus gerichtlichen Blutuntersuchungen eines Sachverständigen in den Jahren 1945 - 48. Dtsch. Z. ges.gerichtl. Med. 40,326 (1951)

242. MAYSER, P.: Prognose des Morbus haemolyticus neonatorum seit Behandlung mit Austauschtransfusionen. Münch. med. Wschr. 103,2372 (1961)

243. MEIER, G.: Populationsgenetische Untersuchungen zur Frage regionaler Unterschiede in der Verteilung der Blutmerkmale M und N in Oberbayern. Diss. München 1963

244. MODIANO, G., A.S. BENERECETTI- SANTACHIARA, F.GONANO, G. ZEI, A. CAPALDO, L. L. CAVALLI-SFORZA: An analysis of ABO, MN, Rh, Hp, Tf and G-6-PD types in a sample from the human population of the Lecce province. Ann. hum. Genet. 29,19 (1965)

245. MODIANO, G., R. SCOZZARI, F. GIGLIANI, C. SANTOLAMAZZA, W. FRATTAROLI: Gene frequencies of adenylate kinase polymorphism in a Roman population. Humangenetik 8,253 (1969)

246. MONN, E.: Human red cell phosphoglucomutase (PGM) types in Norway. Hum. Hered. 19,274 (1969)

247. MOULLEC, J., J. M. FINE: Frequencies of the haptoglobin groups in 406 French blood donors. Nature 184,196 (1959)

248. MOULLEC, J., R. KHERUMIAN: Les groupes sanguins A_1A_2BO, MN, Rh, P,la taille et le poidsdes étudiants parisiens. Communication to 4th Int. Congr. anthrop. ethnol. Sci. Vienna (1952) nach: MOURANT, A. E. (249)

249. MOURANT, A. E.: The distribution of the human blood groups. ^{2} Blackwell, Oxford 1954

250. MOURANT, A. E., A. C. KOPEC, K. DOMANIEWSKA-SOBCZAK: The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. Sec. Edit. Oxford University Press, London usw.(1976)

251. MOUREAU, P.: Contribution à l'étude des facteurs d' individualisation du sang humain et leurs applications en médicine légale. Rev. belge Sci. méd. 7,177 and 7,540(1935) nach: MOURANT,A.E. (249)

252. NAGEL, V.: Über die Häufigkeit des Kell-Faktors in Schleswig-Holstein und seine forensische Anwendung in Vaterschaftssachen. Z. Hyg. Infekt.-Kr. 140, 578 (1955)

253. NAGEL, V., M. HOFFMANN, O. PROKOP: Über die Verteilung der Rhesusfaktoren in der deutschen Bevölkerung und ihren Wert für das Vaterschaftsausschlußverfahren. Acta Genet. med. Gemell. 2,126 (1953)

254. NERSTRØM, B.: On the inheritance of the Gc-system. A Danish family study. Acta genet. (Basel) 13,30 (1963)

255. NGUYEN VAN CONG, J. MOULLEC: Les types de phosphatase acid des globules rouges. Etude de 134 familles. Rev. franc. Etud. clin. biol. 12,574 (1967)

256. OEPEN, I., E. SCHMIDT: In welchem Ausmaß differieren Ergebnisse biostatistischer Berechnungen bei Anwendung verschiedener Verfahren? Beitr. Gerichtl. Med. 30,333 (1973)

257. OLAISEN, B.: Distribution of GPT types in Norway. Hum. Hered. 25,20 (1975)

258. OLAISEN, B., P. TEISBERG: Erythrocyte alanine aminotransferase polymorphism in Norwegian Lapps. Hum. Hered. 22,380 (1972)

259. PESCHEL, E., H. MCINTOSH, I. W. BROWN: Acute tubular necrosis after transfusion reaction due to anti-Kell-antibodies. J. Amer. med. Ass. 167,1736 (1958)

260. PETTENKOFER, H. J.: Über die Häufigkeit des Kell-Faktors in der Berliner Bevölkerung. Klin. Wschr. 32,269 (1954)

261. PETTENKOFER, H. J., M. PETRY, W. HELMBOLD: Die Verteilung der Blutgruppenmerkmale A_1, A_2, B und O sowie M, N und Rh (D) in der Berliner Bevölkerung im Vergleich zur Blutgruppenverteilung (1929) und MN (1932) in Berlin. Blut 3,297 (1957)

262. PETTENKOFER, H. J., G. E. VOIGT: Über die Häufigkeit der Rhesusfaktoren C, c, D, E und e in Berlin und Mitteldeutschland. Naturwissenschaften 41,172 (1954)

263. PFLUGSHAUPT, R., R. SCHERZ, R. BÜTLER: Polymorphism of human red cell adenosine deaminase, esterase D, glutamate pyruvate transaminase and galactose-1-phosphate-uridyltransferase in the Swiss population. Hum. Hered. 26,161 (1976)

264. PFLUGSHAUPT, R., R. SCHERZ, R. BÜTLER: The adenylate kinase (AK) groups in the Swiss population. Humangenetik 12, 167 (1971)

265. PFLUGSHAUPT, R., R. SCHERZ, R. BÜTLER: The phosphoglucomutase (PGM_1) -groups in the Swiss population. Humangenetik 15,271 (1972)

266. PFLUGSHAUPT, R., R. SCHERZ, M. TRAUTWEIN, U. RICHIGER, R. BÜTLER: Polymorphism of the red cell acid phosphatase in the Swiss population. Humangenetik 8,354 (1970)

267. PODLIACHOUK, L., A. EYQUEM, F. JACQUELINE: Observations sur certaines Propriétés du facteur sérique Gm(a). Ann. Inst. Pasteur 99,224 (1960) nach: ROPARTZ, C. et al.(314)

268. POLONOVSKI, M., M. F. JAYLE: Existence dans le plasma sanguin d'une substance activant l'action peroxidasique de l'hemoglobine. C. R. Soc. Biol. 129,457(1938) nach: O.PROKOP,W.GÖHLER (271)

269. PREISLER,O.,I.SIGMOND, H. STEGMANN: Blutgruppen und Rh-Faktor beim Genitalkarzinom. Zbl. Gynäk. 81,493 (1959) nach: MOURANT, A. E. et al. (250)

270. PROKOP, O.: Familienuntersuchungen mit Anti-Gm^a, Anti-Gm^x und Anti-Gm^b mit Angaben zur Phänotypenfrequenz. Z. Ärztl. Fortbild. (Jena) 56,770 (1962)

271. PROKOP, O., W. GÖHLER: Die menschlichen Blutgruppen. ^{4}Fischer, Stuttgart 1976

272. PROKOP, O., I. ISHIYAMA: Die Frequenz von Inv(1) in der Berliner Bevölkerung. Acta biol. med. germ. 16,459 (1966)

273. PROKOP, O., H. E. LEVENS, P. SPEISER: Häufigkeit des Kell-Faktors in der westdeutschen Bevölkerung. Klin. Wschr. 31,720 (1953)

274. PROKOP, O., G. UHLENBRUCK: Lehrbuch der menschlichen Blut-und Serumgruppen. Thieme, Leipzig 1966

275. PULVERER, G., K. HUMMEL, V. WEIDTMANN: Verteilung der Typen der sauren Erythrozytenphosphatase in der deutschen Bevölkerung. Z. Immun.-Forsch. 138,475 (1969)

276. RACE, R. R., R. SANGER: Blood groups in man. 3rd. ed. Blackwell, Oxford 1954

277. RADAM, G., H. STRAUCH: Populationsgenetik der sauren Erythrozytenphosphatase. Humangenetik 2,378 (1966)

278. RADAM, G., H. STRAUCH: Populationsgenetik der Adenylatkinase (E.C. 2.7.4.3). Humangenetik 6,90 (1968)

279. RADAM, G., H. STRAUCH: Die Darstellung der Phosphoglucomutase-Varianten (E.C. 2.7.5.1). Ärztl. Lab. 15,7 (1969)
280. RADAM, G., H. STRAUCH: Beitrag zur Populationsgenetik der Adenosindesaminase. Humangenetik 12,173 (1971)
281. RADAM, G., H. STRAUCH: Daten zur Populationsgenetik der Glutamat-Pyruvat-Transaminase. Dtsch. Gesundh.-Wes. 27, 1292 (1972)
282. RASCH, L. M.: Die Verteilung der Blutgruppen und Untergruppen in Südbayern unter Einschluß von München. Blut 6,257 (1964)
283. RASKA, K., R. SANGER, S. D. LAWLER, R. R. RACE: Krevni skupiny a Rh genotypy v ceském obyvatelstvu. Cas. Lék. Cesk. 87,658 (1948) nach: MOURANT, A. E. (249)
284. RAWENGEL, D.: Die augenblickliche Blutgruppen-und Blutfaktorenverteilung in Berlin. Diss. Berlin 1949
285. REIMANN, W., M. SCHULZE: Untersuchungen zur Populationsgenetik der sauren Erythrozytenphosphatase im Dresdner Einzugsgebiet. Z. ärztl. Fortbild. 62,775 (1968)
286. REIMANN, W., G. WILLNER: Indentifizierung gelagerter Alkoholblutproben durch Bestimmung der Typen der sauren Erythrozytenphosphatase (SEPh). Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 64,33 (1968)
287. REINSKOU, T.: Distribution of the Gc-types in Norway. Acta genet. (Basel) 15,33 (1965)
288. REINSKOU, T., J. MOHR: Inheritance of the Gc-types: 95 Norwegian families with 343 children. Acta genet. (Basel) 12,51 (1962)

289. RENNINGER, W. in: Bericht über die 6. Tagung der Arbeitsgemeinschaft der Blutgruppensachverständigen. Freiburg 1970. nach: SCHWARZ, R. (340)
290. RENNINGER, W.: Beitrag zur sauren Erythrozytenphosphatase des Menschen. Frankf. Med. Forum, Königstein 1970
291. RENNINGER, W., C. BIMBOESE: Zur Genetik der Erythrozyten-Adenosin-Deaminase. Genfrequenzen und Familienuntersuchungen. Humangenetik 9,34 (1970)
292. RENNINGER, W., W. SPIELMANN: Beitrag zur Genetik der Erythrozyten-Phosphoglucomutase. Humangenetik 8,64 (1969)
293. RICHTER, O.: Untersuchungen zur Typendifferenzierung der sauren Erythrozytenphosphatase. Z. Immun.-Forsch. 134,287 (1967)
294. Richtlinien für die Erstattung von Blutgruppengutachten vom 28. 10. 1977, Bundesgesundheitsblatt 20,236 (1977)
295. RIMPAU, KRUSE in: Tabulae Biologicae: Blood groups. D. Junk, Den Haag (1939)
296. RINKEL,M. in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 3, H 3/4,184 (1930/31)
297. RITTER, H.: Zur formalen Genetik des Duffy-Systems. Humangenetik 4,59 (1967)
298. RITTER, H.: Persönliche Mitteilung nach: MOURANT, A. E. et al. (250)
299. RITTER, H., K. H. DRESCHER: Bestimmungstechnik der Gammaglobulin-Polymorphismen Gm und InV. Ärztl. Lab. 10,88 (1964)
300. RITTER, H., K. HINKELMANN: Zur Balance des Polymorphismus der Haptoglobine. Humangenetik 2,21 (1966)
301. RITTER, H., G. JÖRGENSEN, F. VOGEL: Haptoglobinpolymorphismus. In: BECKER, P.E.: Humangenetik Bd. I/3 Thieme, Stuttgart 1975

302. RITTER, H., C. ROPARTZ, H. BAITSCH, P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT, K. REMY: Zur Formalgenetik des Gammaglobulin-Polymorphismus Gm (Merkmale Gm(a), Gm(b), Gm(e)); Untersuchungen an 387 Familien. Acta genet. (Basel) 14,4 (1964)

303. RITTER, H., C. ROPARTZ, P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT, M. L. BÄHR: Zur Formalgenetik und Populationsgenetik des Gammaglobulin-Polymorphismus InV (Merkmale InV(1) und InV(a)). Acta genet. (Basel) 14,15 (1964)

304. RITTER, H., C. ROPARTZ, P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT, A. SATI: Studies on the formal genetics of the gammaglobulin polymorphism Gm (characters Gm(a), Gm(b), Gm(x)). A Study of 386 families. Vox Sang. (Basel) 9,340 (1964)

305. RITTER, H., C. ROPARTZ, P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT, H. WALTER: Formale Genetik und Populationsgenetik des InV-Polymorphismus. Blut 13,373 (1966)

306. RITTER, H., E. SCHMIDTMANN: Das Anti-inv-1-Rie. Hum. Genet. 1,144 (1964)

307. RITTER, H., G. G. WENDT: Untersuchungen von 223 Familien zur formalen Genetik des InV-Polymorphismus. Humangenetik 1,123 (1964)

308. RITTER, H., G. G. WENDT, G. TARIVERDIAN, I. ZILCH, M. RUBE, G. KIRCHBERG: Genetics and linkage analysis of adenosine deaminase. Humangenetik 14,69 (1971)

309. RITTER, H., G. G. WENDT, I. ZILCH, J. KÖMPF, H. CRAMER, G. KIRCHBERG: Genetics and linkage analysis for the acid phosphatase of the erythrocytes. Humangenetik 13,353 (1971)

310. RITTNER, C., D. MORATH, K. KLOTZ, F. H. ALLEN jr.: Some population and family data on the inheritance of red cell phosphoglucomutase. Hum. Hered. 19,674 (1969)

311. RIVAT, L., P.-Y. ROUSSEAU, H. WALTER, A. ARNDT-HANSER: unveröffentlicht nach: ROPARTZ, C., P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT: Hypothèses sur la génétique formelle du système Gm chez les Caucasiens. Humangenetik 1,483 (1965)

312. ROPARTZ, C.: Les groupes sériques Gm. Etat actuel dela question. Rev. franc. Etud. clin. biol. 5,933 (1960) nach: C. ROPARTZ et al. (314)

313. ROPARTZ, C., J. LENOIR, L. RIVAT: A new inheritable property of human sera: the Inv factor. Nature 189,586 (1961)

314. ROPARTZ, C., L. RIVAT, P.-Y. ROUSSEAU, H. BAITSCH, J. VAN LOGHEM: Les systèmes Gm et InV en Europe. Acta genet. (Basel) 13,109 (1963)

315. ROPARTZ, C., L. RIVAT, P.-Y. ROUSSEAU, U. BIRK LAURIDSEN, I. PERSSON: A survey of 9 Gm-factors, the Inv and the Isf systems in Danes. Hum. Hered. 20,275 (1970)

316. ROPARTZ, C., P.-Y. ROUSSEAU, L. RIVAT: Le système de γ-globuline, Gm, dans une population de la Seine-Maritime. Fréquence des phénotypes. Etude familiale. Rev. franc. Etud. clin. biol. 7,847 (1962) nach: O. PROKOP, W. GÖHLER (271)

317. ROPARTZ, C., H. WALTER, A. ARNDT-HANSER, L. RIVAT, P.-Y. ROUSSEAU, W. BERNHARD: On the frequency of the Gm- and Inv-serum groups in South-Western Germany. Acta genet. 14,298 (1964)

318. ROS, C. VAN, M. VAN SANDE, R. DRUET: Groupes d'haptoglobine et de transferrine dans les populationes africaines et europeennes. Ann. Soc. belge Méd.trop. 43,511 (1963) nach: R. STEDMANN: Human population frequencies in twelve blood grouping systems. J. Forens. Sci. Soc. 12,379 (1972)

319. ROSE, M.: Die Frequenz der Transferrin-Allele Tf^B, Tf^C und Tf^Din der Bevölkerung der DDR. Krim. u. forens. Wiss. H 6,93 (1971)

320. SACHS, V.: Die Häufigkeit der Serumgruppe InV(a+) (Gm-like?) in Schleswig-Holstein. Z. Immun.-Forsch. 123,284 (1962)

321. SACHS, V.: Die Häufigkeit der Serumgruppe Gm(x+) in der schleswig-holsteinischen Bevölkerung. Z. Immun.-Forsch. 123,290 (1962)

322. SALAK, J., Z. PALOUSOVA: On the phenotype distribution of red cell acid phosphatase in Czechoslovakia. The district of Ceske Budejovice. Humangenetik 13,247 (1971)

323. SANGER, R., S. D. LAWLER, R. R. RACE: L'hérédité des groupes sanguins P chez 85 familles anglaises. Rev. Hémat. 4,28 (1949) nach: MOURANT, A. E. (249)

324. SCHAAL, K. P., J. GRAAF, V. WEIDTMANN, G. PULVERER: Verteilung der Isoenzymtypen der Erythrozyten-phosphoglucomutase in der deutschsprachigen Bevölkerung. Z. Immun.-Forsch. 141,391 (1971)

325. SCHIFF, F.: Zur Serologie der Berliner Bevölkerung. III. Mitt. Klin. Wschr. 10,448 (1929)

326. SCHIFF, F.: Die forensische Bedeutung der Faktoren M und N und anderer neuerer serologischer Typenmerkmale. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 21,404 (1933)

327. SCHIFF, ZIEGLER in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H 3,114 (1929/30)

328. SCHLESINGER, D., A. VOGT, O. PROKOP: Die Methodik der Gc-Bestimmung. Dtsch. Gesundh.-Wes. 18,332 (1963)

329. SCHLEYER, F., W. SPIELMANN, I. OEPEN: Kombination von Rh-Deletionstyp und stummem Fy-Gen. Beitr. Gerichtl. Med. 30,389 (1973)

330. SCHMIDT, O., R. MANZ, K. H. TRAENCKER: Serologische Untersuchungen bei Zwillingen mit besonderer Berücksichtigung der Rh-Untergruppen sowie des Faktors P, seiner Receptorenstärke und der Ausscheidereigenschaft. Dtsch. Z. gerichtl. Med. 40,197 (1951)

331. SCHMITT, P. A.: Ergebnisse von 3 585 Blutgruppenbestimmungen in der Provinz Hannover. Z. Rassenphysiol. Bd. 4, H 3/4,142 (1931)

332. SCHNEEWEISS, B., A. LANGE: Über die Blutgruppenverteilung (ABO und Rh-Faktor "D") in der DDR am Beispiel von 7 500 Untersuchungen. Dtsch. Gesundh.-Wes. 16,534 (1961)

333. SCHOENFELD, L. S.: Les γ-globulines chez l'homme. La fréquence du facteur sérique Gm^a chez les donneurs du centre de transfusion sanguine de Genève. Diss. Genf 1961

334. SCHOLZ, W.: Untersuchungen über Assoziationen zwischen Carzinomerkrankungen und gruppenspezifischen Blutmerkmalen. Humangenetik 6,88 (1968)

335. SCHRÖDER, G.: Bestehen Beziehungen zwischen Blutgruppe und Karzinomerkrankung? Untersuchungen an 2 145 Karzinompatienten. Dtsch. Gesundh.-Wes. 9,389 (1954)

336. SCHUHKNECHT, H.: Die Blutgruppenverteilung im Erzgebirge nebst einem Beitrag zur Frage der Vererbung der Blutgruppen. Diss. Leipzig 1932

337. SCHULTE-MÖNTING, J., E. WALTER: Statistische Interpretation von serologischen Befunden zur Beurteilung der Vaterschaft. Bundesgesundheitsblatt 15,257 (1972)

338. SCHULTHEIS, W., H. H. PETER, H. DEICHER: Gm(1) and Gm(2) immunglobulin allotypes in patients with malignant melanoma. Humangenetik 28,177 (1975)

339. SCHULZ, M.: Blutgruppenverteilung beim Bronchialcarcinom. Diss. Berlin 1963

340. SCHWARZ, R.: Untersuchungen über die erblichen Isoenzymtypen der Phosphoglucomutase (PGM_1) und der Sauren Erythrozytenphosphatase (SEP) an Erythrozyten von Anämiepatienten, von Gesunden, aus Blutkonserven und nach enzymatischer Vorbehandlung sowie Erhebung populationsgenetischer Daten für Osthessen. Diss. Marburg 1972

341. SCHWARZFISCHER, F.: Populationsgenetische Untersuchungen zur Frage regionaler Unterschiede in der Verteilung der Blutgruppen ABO in Südbayern. Diss. München 1959

342. SCHWARZFISCHER, F.: Zur Häufigkeit der Phänotypen Gm(a) und Gm(x) im süddeutschen Raum. Anthrop. Anz. 27,307 (1965)

343. SCHWARZFISCHER, F., K. G. LIEBRICH: Zur Serologie, Genetik und Populationsgenetik der MNS-Typen; ihre Häufigkeit im süddeutschen Raum. Acta genet. (Basel) 11,317 (1961)

344. SCHWIDETZKY, I., R. KNUSSMANN, H. WALTER: Unterschiede zwischen morphologischen und serologischen Merkmalen im Tempo der geographischen Differenzierung. Z. Morph. Anthrop. 56,96 (1964)

345. SCOZZARI, R., C. SANTOLAMAZZA, E. CARAPELLA: Studies on the red cell adenosine deaminase polymorphism in Rome. Humangenetik 8,364 (1970)

346. SCOZZARI, R., C. SANTOLAMAZZA, G. F. SPENNATI, G. AZZARONE: Red cell acid phosphatase, phosphoglucomutase and adenylate kinase polymorphisms in the district of L'Aquila (Italy). Hum. Hered. 20,104 (1970)

347. SCOZZARI, R., G. TRIPPA, C. BARBERIS, P. MENINI: Red cell glutamic pyruvic transaminase gene frequencies in the region of the Po Delta

(Ferrara, Northern Italy). Humangenetik 26,147 (1975)

348. SEGER, J.: Fréquence des types de phosphatase acide, phosphoglucomutase et adénylate kinase dans la population parisienne. Rev. Fr. Transfus. 14,393 (1971) nach: R. STEDMANN: Human population frequencies in twelve blood grouping systems. J. Forens. Sci. Soc. 12,379 (1972)

349. SEIFERT, B.: Magenkrebs und ABO-Blutgruppensystem. Zbl. Chir. 89,1576 (1964)

350. SERAFINI, N. A., A. SERRA: Plasma transferrin phenotype and gene frequencies in the population of Rome (Italy). Humangenetik 6,142 (1968)

351. SERFAS, O., G. SCHUBERT: Zur Haptoglobinverteilung im Raume Berlin. Blut 6,304 (1960)

352. SETH, S.: Population genetics of soluble glutamic-pyruvic-transaminase in Northern Germans (Lübeck). Humangenetik 23,223 (1974)

353. SETH, S., H. BERNDT: Distribution of enzyme groups and serum proteins in a North German population. Humangenetik 20,147 (1973)

354. SICILIANO, G., M. MITTIGA in: G. MORGANTI, A. CRESSERI: Distribution des groupes sanguins en Italie. 4th Int. Congr. Blood Transfus.,Lisbon 1951

355. SITTNER, G., D. WIEBECKE, K. TRENKEL: Experimentelle Untersuchung zur Populationsgenetik der 3. Komplementkomponente (C_3) und der Serumkomponente Transferrin (Tf) in der Bevölkerung Nordbayerns. Blut 32,447 (1976)

356. SKORCZYK, W.: Beziehungen zwischen ABO-Blutgruppensystem und einigen Erkrankungen des Magens unter Berücksichtigung ihrer Lokalisation und Histologie. Diss. Tübingen 1964

357. SKOV, F., M. ERIKSEN, L. HAGERUP: Distribution of the ABO, MNS, P, Rhesus, Lutheran, Kell, Lewis and Duffy blood groups and frequency of irregular red cell antibodies in a population of Danes aged fifty years and a population of Danes aged seventy years. Acta path. microbiol. scand. 78,553 (1970)

358. SKUDE, K., A. JAKOBSSON: Determination of adenylate kinase phenotypes employing agar gel. Hum.Hered. 20,319 (1970)

359. SMERLING, M.: Erfahrungen mit der Transferrintypen-Bestimmung in einer Stichprobe aus West-Berlin. Z. Rechtsmedizin 70,241 (1972)

360. SONNEBORN, H. H., W. RENNINGER: Genfrequenzuntersuchungen der Adenosindesaminase-Isoenzyme mit einer neuen Technik. Humangenetik 10,188 (1971)

361. SØRENSEN, S. A.: Adenylate kinase, adenosin deaminase and phosphoglucomutase phenotypes in a Danish population. Hum. Hered. 22,362 (1972)

362. SORGO, G., C. PISO: Das System Duffy: Genfrequenzen und Familienuntersuchungen. Blut 24,89 (1972)

363. SPEDINI, G.: Le Aptoglobine in Antropologia. Acta genet. med. Gemell. 13,388 (1964)

364. SPEISER, P.: Die Brauchbarkeit von 19 Erbmerkmalsystemen im Paternitätsprozess. Immuninformation, H 3 (1971)

365. SPEISER, P., W. JANCIK: Diskussionsbeitrag Tagg. der Gesellschaft der Ärzte in Wien. Wien. klin. Wschr. 4,75 (1963)

366. SPEISER, P., D. LEWKIN: Über den Blutfaktor Kell und seine Häufigkeit in der Wiener Bevölkerung. Klin. Med. 5,529 (1950)

367. SPEISER, P., D. MICKERTS, V. PAUSCH: Das System Kidd. Wien. klin. Wschr. 74,352 (1962)

368. SPEISER, P., H. MOHL: Die Phänotypen-, Genotypen- und Genfrequenz erblicher Blutkörperchenmerkmale in der Wiener Bevölkerung. Homo 4,27 (1953)

369. SPEISER, P., V. PAUSCH: Die saure Erythrozytenphosphatase des Menschen. Wien. klin. Wschr. 80,5 (1968)

370. SPEISER, P., B. WEIGL: Das Blutfaktorensystem P in der Wiener Bevölkerung (1951), ausgewertet mit einem menschlichen, natürlichen Anti-P-Serum. Klin. Med. 7,54 (1952)

371. SPENCER, N., D. A. HOPKINSON, H. HARRIS: Phosphoglucomutase polymorphism in man. Nature 204, 742 (1964)

372. SPENCER, N., D. A. HOPKINSON, H. HARRIS: Adenosine deaminase polymorphism in man. Ann. hum. Genet. 32,9 (1968)

373. SPIELMANN, W., E. GWOSDZ, H. MÜLLER, D. TEIXIDOR: Genfrequenzen und Vererbung im Kidd-System. Klin. Wschr. 11,788 (1966)

374. SPIELMANN, W., P. KÜHNL, C. REXROTD, L. G. HÄNSEL: Untersuchungen zum GPT-System unter besonderer Berücksichtigung des stummen Allels GPT^{o}. Humangenetik 18,341 (1973)

375. SPIELMANN, W., H. RUPPIN, L. SCHILLING, D. TEIXIDOR: Genotypenfrequenzen und Vererbung MNSs-System, zugleich ein Beitrag über die Verwendbarkeit der Merkmale S und s im Blutgruppengutachten. Dtsch. Z. ges. gerichtl. Med. 64,186 (1968)

376. SPIELMANN, W., L. SCHILLING, D. TEIXIDOR: Genfrequenzen und Vererbung im Duffy-System. Humangenetik 6,200 (1968)

377. STÜRNER, K. H., H. CHRISTEN: Die Verteilung der Hp-Typen in Schleswig-Holstein. Schleswig-Holsteinisches Ärztebl. 14,387 (1961)

378. STUTZ, H. R., W. ZIMMERMANN: Die Anwendung der binomischen Methode bei der Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit. Z. Immun.-Forsch. 120,161 (1960)

379. SUCKER, W.: Die Isohämagglutinine des menschlichen Blutes und ihre rassenbiologische Bedeutung. Z. Hyg. Infekt.-Kr. 102,482 (1924)

380. SZCZOTKA, H., K. HUMMEL: Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit mit Blutgruppenbefunden unter Benutzung von Frequenzen Fremdstämmiger. I. Mitteilung : Formeln zur Handrechnung von Y/X-Werten in Systemen mit 2, 3 und 4 Allelen. Z. Immun.-Forsch. 151,359 (1976)

381. TARIVERDIAN, G., H. RITTER: Population genetics of adenosine deaminase: Gene frequencies in Southwestern Germany. Humangenetik 7,179 (1969)

382. TARIVERDIAN, G., H. RITTER: Adenosine deaminase polymorphism (E.C. 3.5.4.4): Formal genetics and linkage relation. Humangenetik 7,176 (1969)

383. TARUKOSKI, P. H.: Gene frequencies of haptoglobin types in a Swedish population. Nordisk Med. 62,1425 (1959)

384. TEISBERG, P.: Transferrin variants in Norway. Hum. Hered. 22,259 (1972)

385. THEILE, U.: Genetische Untersuchungen über den Gc-Faktor. Diss. Marburg 1964

386. THOMAS, K., F. HOFMANN: Genetische Untersuchungen im Gc-Serumgruppensystem. Dtsch. Gesundh.-Wes. 21,607 (1966)

387. THOMAS, K., F. HOFMANN: Die Serumgruppensysteme Lp(a), Gm(a), Gc und Hp bei Cerebralsklerotikern. Hum. Genet. 4,18 (1967)

388. THOMAS, K., G. KAMPF: Die vererbbaren Gm-Serumeiweißgruppen - ein neuer Faktor $Gm^{Dresden}$ in diesem System. Dtsch. Gesundh.-Wes. 16,1185 (1961)

389. THOMAS, K., O. PROKOP, C. KERDE: Über die Häufigkeit des Blutgruppenmerkmals S (WALSH und MONTGOMERY) in der Bevölkerung der DDR. Z. ärztl. Fortbild. 54,1323 (1960)

390. TUROWSKA, B.: Polymorphism of red cell phosphoglucomutase , adenylate kinase and adenosine deaminase in a Polish population. Hum. Hered. 25,506 (1975)

391. UHLIG, R.: Verteilung der Typen der sauren Erythrozytenphosphatase in der Bevölkerung von Erfurt. Folia haemat. (Leipzig) 97,229 (1972)

392. VETTER, O., O. SERFAS: Ein weiterer Beitrag zur Verteilung der Haptoglobingruppen. Genfrequenzen im Bezirk Leipzig. Dtsch. Gesundh.-Wes. 17,615 (1962)

393. VETTER, O., H. WEGNER: A further case of anti-Fy^b and the frequency of Duffy-antigens in the population of the city of Leipzig. Acta genet. (Basel) 17,338 (1967)

394. VÖLTER, D., G. VÖLTER, W. DICK, G. GRIESSNER: ABO-Blutgruppen und Erkrankungen. Z. Morph. Anthrop. 62,290 (1970)

395. WALDVOGEL, B., V. SACHS, J. DREWS: Untersuchungen zur Genhäufigkeit der Erythrozytenisoenzyme Adenylatkinase (AK), Adenosin-Desaminase (ADA) und 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD) in Schleswig-Holstein. Z. Immun.-Forsch. 143,156 (1972)

396. WALTER, H.: Über die Verteilung der Haptoglobintypen in Rheinland-Pfalz. Blut 7,373 (1961)

397. WALTER, H.: Die Bedeutung der serologischen Merkmale für die Rassenkunde. In: I. SCHWIDETZKY: Die neue Rassenkunde. Fischer, Stuttgart 1962

398. WALTER, H.: Untersuchungen über die Häufigkeit der ABO-, MN- und Rh-Faktoren in Südwestdeutschland. Acta genet. (Basel) 12,296 (1962)

399. WALTER, H.: Zur Frage sozialer Unterschiede in der Verteilung der ABO-, MN- und Rh-Faktoren. Blut 9,1 (1963)

400. WALTER, H., R. ANATHAKRISHNAN, L. TSACHERA: Serum protein groups in Bulgaria. Hum. Hered. 22,529 (1972)

401. WALTER, H. A. ARNDT-HANSER: Populationsgenetische Untersuchungen im Mittelrheingebiet. Homo 2,59 (1967)

402. WALTER, H., A. ARNDT-HANSER, W. BERNHARD, G. HEYDE: Über die Häufigkeit der Serumgruppen Hp, Gc und Gm in Südwestdeutschland. Blut 10,225 (1964)

403. WALTER, H., A. ARNDT-HANSER, C. ROPARTZ: Anthropologische Untersuchungen in Rheinland-Pfalz: Die Verteilung der serologischen Merkmale. Homo 26,35 (1975)

404. WANNER, E.: Kritisch-statistische Betrachtung über die Ergebnisse der Blutuntersuchung (Blutgruppen und Faktoren) (1936 - 1940) im Vaterschaftsprozeß. Diss. München 1941

405. WELSCH, H.: Zum Problem des indirekten Vaterschaftsausschlusses im ABO- und Rh-System. Diss. München 1960

406. WENDT, G. G.: Serumeiweiß und Vaterschaft. Dtsch. med. Wschr. 88,916 (1963)

407. WENDT, G. G.: Blood groups, serum factors and psoriasis vulgaris. Dermatologica (Basel) 136,1 (1968)

408. WENDT, G.G., H. DEICHER, I. VON KOPPENFELS, D. PULS: Der Gammaglobulinfaktor Gm(a) und seine Anwendung im Vaterschaftsgutachten. Z. Morph. Anthrop. 54,216 (1963)

409. WENDT, G. G., H. DEICHER, D. PULS: Die Häufigkeit der Phänotypen des Gammaglobulinsystems Gm(abxr)

und ihre Beziehung zu anderen Erbfaktoren des Blutes. Z. menschl. Vererb. Konstit. -Lehre 37,1 (1963)

410. WENDT, G. G., H. RITTER, I. ZILCH, G. TARIVERDIAN, I. KINDERMANN, G. KIRCHBERG: Genetics and linkage analysis of adenylate kinase. Humangenetik 13,347 (1971)
411. WENDT, G. G., H. RITTER, I. ZILCH, G. TARIVERDIAN, G. UTERMANN, I. KINDERMANN, G. KIRCHBERG: Genetics and linkage analysis on phosphoglucomutase. Humangenetik 13,350 (1971)
412. WENDT, G. G., U. THEILE: Untersuchungen über den Gc-Faktor. Dtsch. med. Wschr. 88,696 (1963)
413. WERNER, D.: Blutgruppenfrequenzen im Hamburger und gesamtdeutschen Raum während der letzten 50 Jahre. Diss. Hamburg 1971
414. WICHMANN, D.: Populationsgenetische Untersuchungen über das Haptoglobinsystem. Z. menschl. Vererb. Konstit.-Lehre 36,93 (1961)
415. WICHMANN, D.: Der Zusammenhang des Rhesus- und Gm-Systems, ihre Lokalisation auf dem Chromosom 1. Blut 32,43 (1976)
416. WICHMANN, D., F. SCHLEYER: Untersuchungen über die Häufigkeit der Hp-Typen in Nordrhein-Westfalen und ihre forensische Brauchbarkeit. Z. Immun.-Forsch. 121,196 (1961)
417. WIEBECKE, D.: Die Frequenzen von Gm(1,2,3,5) und Inv(1) in der Bundesrepublik Deutschland. Humangenetik 18,175 (1973)
418. WIEBECKE, D., H. D. BRACKEBUSCH: Studies on the polymorphism of the soluble glutamic-pyruvic-transaminase in the population of Northern Bavaria (Germany). Humangenetik 23,227 (1974)
419. WIEBECKE, D., H.D. BRACKEBUSCH: Studies on the red cell acid phosphatase in the population of Northern Bavaria (Germany). Humangenetik 23,230 (1974)

420. WIEBECKE, D., K. DICKHÄUSER, C. GOECKE: Die Frequenzen der Gammaglobulin-Serumgruppen Gm(1,2,4,12) und Inv(1) bei Normalpersonen und bei Carzinomträgern. Bibl. haemat. 32,64 (1969)

421. WIEBECKE, D., W. SPIELMANN, S. SEIDL: The frequencies of Gm(1),Gm(2),Gm(4), Gm(12) and InV(1) in Hessen (Germany). Humangenetik 5,211 (1968)

422. WIECHMANN, E., H. PAAL in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H 3,114 (1929/30)

423. WIEDERMANN, D.: Pomerné zastouperi serovych Gc-skupin u obyvatelstva v Brnenskem. Med. Brun 37,237 (1964) nach: JÖRGENSEN,G.et al.(183)

424. WILLE, B., K. BENDER, U. WOLF, H. RITTER: Zur Populationsgenetik der sauren Phosphatase der Erythrozyten (E.C. 3.1.3.2): Phänotypen- und Allelenhäufigkeiten in Südwestdeutschland. Humangenetik 5,274 (1968)

425. WILLE, B., H. RITTER: Zur Populationsgenetik der Adenylatkinase. Genhäufigkeit in einer südwestdeutschen Stichprobe. Humangenetik 5,278 (1968)

426. WILLE, B., H. RITTER: Zur formalen Genetik der Adenylatkinasen (E.C. 2.7.4.3). Hinweis auf Koppelung der Loci für AK und ABO. Humangenetik 7,263 (1969)

427. WILLE, B., E. SCHMIDT, H. RITTER: Population genetics of red cell phosphoglucomutase (E.C. 2.7.5.1): Gene frequencies in Southwestern Germany. Humangenetik 5,271 (1968)

428. WILLE, B., E. SCHMIDT, H. RITTER: Zur formalen Genetik der Phosphoglucomutase (E.C. 2.7.5.1); Untersuchung von 366 Familien. Humangenetik 8,67 (1969)

429. WÜST, H.: The red cell adenosine deaminase (ADA) polymorphism in Vienne. Distribution and usefullness in disputed parentage. Vox Sang. (Basel) 20,267 (1971)

430. WYSLOUCHOWA, B.: Red cell acid phosphatase types in Poland. Population and genetic studies. Hum. Hered. 20,199 (1970)

431. ZAPLITNYJ, S.: Statistische Zusammenfassung der Blutgruppen- und Faktoren-Untersuchungsergebnisse in Paternitätsprozessen aus den Jahren 1946 - 1949. Diss. München 1950

432. ZILCH, I.: Koppelungsdaten aus 159 Familien für ABO, Rh, Gm, Gc und Hp. Humangenetik 2,392 (1966)

433. ZILS in P. STEFFAN, S. WELLISCH: Die geographische Verteilung der Blutgruppen. Z. Rassenphysiol. Bd. 2, H 3,114 (1929/30)

434. ZIMMERMANN, W., G. CASPARI: Die Gc-Gruppenverteilung im Raum Saar-Pfalz, Vergleich mit anderen Populationen. Z. Immun.-Forsch. 138,80 (1969)

Frau Professor Dr. I. Oepen sei für die interessante Themenstellung, ihren sachkundigen Rat und ihre freundliche Unterstützung bei der Fertigstellung dieser Arbeit gedankt.

Herrn Professor Dr. P. Ihm danke ich für die Beratung und die kritische Durchsicht der Arbeit sowie für die Übernahme des Correferates.

Meine akademischen Lehrer waren die Damen und Herren Professoren und Dozenten:

Amon, Aurich, Bommer, Braasch, Buchholz, Busch, Daume, Dehnicke, Dimroth, Dittrich, Dölle, Exner, Frenzel, Friederich, Ganz, Golenhofen, Graul, Grundner, Hamelmann, Hamm, Hardewig, Havemann, Hensel, Hering, Hess, Hildebrandt, Hilgermann, Hort, Ihm, Jakob, Kaffarnik, Kalbfleisch, Karl, Karlson, Klaus, Kleinsasser, Koecke, Koransky, Lauer, Linneweh, Ludwig, G., Mannheim, Maroske, Martini, Nultsch, Oepen, H., Oepen, I., Petry, Portig, Pots, Rodeck, Rohen, Schaumlöffel, Schiff, Schleyer, Schmid, W., Schmitz-Moormann, Seidel, Schwick, Siegert, Solcher, Spiegelberg, Straub, Struck, Thoenes, Uhlarik, Walcher, Wehrmeyer, Welge-Lüssen, Wendt, Willenbockel.

Lebenslauf

Helga Klapproth, geb. Langhans, geboren am 19. 6. 1942 in Karlsbad / CSSR.

1947	Übersiedlung nach Ehringshausen - OT Katzenfurt im Landkreis Wetzlar
1949 - 1953	Besuch der Volksschule in Ehringshausen-Katzenfurt
1953 - 1959	Besuch der Städtischen Mittelschule in Herborn im Dillkreis
1959 - 1962	Lehrzeit in der Steuerberatungspraxis meines Vaters, Ernst Langhans, in Ehringshausen-Katzenfurt mit abschließender Gehilfenprüfung vor der IHK Wetzlar
1962 - 1964	Tätigkeit als Buchhalterin des Kreisverbandes des Deutschen Roten Kreuzes in Wetzlar
1964 - 1966	Tätigkeit als Sekretärin des katholischen Studentenpfarrers, Dr. Wolfgang Bender, an der Universität in Frankfurt/Main
1966 - 1968	Besuch des Hessenkollegs in Wetzlar mit abschließender Reifeprüfung
WS 1968/69 - WS 1974/75	Studium der Medizin an der Philipps-Universität Marburg/Lahn
25. 6. 1975	Medizinisches Staatsexamen an der Philipps-Universität Marburg/Lahn
1. 8. 1975 - 31. 1. 1976	Tätigkeit als Medizinalassistentin an der Medizinischen Poliklinik der Universität Marburg/Lahn
1. 2. 1976 - 31. 7. 1976	Tätigkeit als Medizinalassistentin an der Chirurgischen Universitätsklinik Marburg/Lahn
11. 8. 1976	Approbation als Ärztin
1. 1. 1977 - 30. 9. 1976	Tätigkeit als Stationsärztin einer internistischen Station des Diakonie-Krankenhauses in Marburg/Lahn - Wehrda
seither	Landarzt-Vertretungen als Vorbereitung zur Niederlassung als praktische Ärztin
seit 1974	Doktorandin am Institut für Rechtsmedizin der Universität Marburg/Lahn - Anfertigung meiner Dissertation unter Leitung von Frau Professor Dr. I. Oepen